

FIGURE 1

CTAAAAAATATGTTCTCTACAACACCAAGGCTCATTTAAATATTTTAAATATT
AATATACATTTCTTCTGTCAGAAATACATAAACTTTATTATATCAGCGCAGG
5 GCGGCGCGGCGTCGGTCCCGGGAGCAGAACCCGGCTTTTTCTTGGAGCGACG
CTGTCTCTAGTCGCTGATCCCAAATGCACCGGCTCATCTTTGTCTACACTCTA
ATCTGCGCAAACCTTTTGAGCTGTCGGGACACTTCTGCAACCCCGCAGAGCG
CATCCATCAAAGCTTTGCGCAACGCCAACCTCAGGCGAGATGAGAGCAATCA
CCTCACAGACTTGTACCGAAGAGATGAGACCATCCAGGTGAAAGGAAACGG
10 CTACGTGCAGAGTCCTAGATTCCCGAACAGCTACCCAGGAACCTGCTCCTG
ACATGGCGGGCTTCACTCTCAGGAGAATACACGGATACAGCTAGTGTTTGACA
ATCAGTTTGGATTAGAGGAAGCAGAAAATGATATCTGTAGGTATGATTTTGT
GGAAGTTGAAGATATATCCGAAACCAGTACCATTATTAGAGGACGATGGTGT
GGACACAAGGAAGTTCCTCCAAGGATAAAATCAAGAACGAACCAAATTTAA
15 ATCACATTCAAGTCCGATGACTACTTTGTGGCTAAACCTGGATTCAAGATTTA
TTATTCTTTGCTGGAAGATTTCCAACCCGCAGCAGCTTCAGAGACCAACTGGG
AATCTGTCACAAGCTCTATTTTCAGGGGTATCCTATAACTCTCCATCAGTAACG
GATCCCACTCTGATTGCGGATGCTCTGGACAAAAAAATTGCAGAATTTGATA
CAGTGGAAGATCTGCTCAAGTACTTCAATCCAGAGTCATGGCAAGAAGATCT
20 TGAGAATATGTATCTGGACACCCCTCGGTATCGAGGCAGGTCATACCATGAC
CGGAAGTCAAAAGTTGACCTGGATAGGCTCAATGATGATGCCAAGCGTTACA
GTTGCACTCCCAGGAATTACTCGGTCAATATAAGAGAAGAGCTGAAGTTGGC
CAATGTGGTCTTCTTTCCACGTTGCCTCCTCGTGCAGCGCTGTGGAGGAAATT
GTGGCTGTGGAACCTGTCAACTGGAGGTCCTGCACATGCAATTCAGGGAAAAC
25 CGTGAAAAAGTATCATGAGGTATTACAGTTTGAGCCTGGCCACATCAAGAGG
AGGGGTAGAGCTAAGACCATGGCTCTAGTTGACATCCAGTTGGATCACCATG
AACGATGTGATTGTATCTGCAGCTCAAGACCACCTCGATAAGAGAATGTGCA
CATCCTTACATTAAGCCTGAAAGAACCTTTAGTTTAAGGAGGGTGAGATAAG
AGACCCTTTTCTACCAGCAACCAAACCTTACTACTAGCCTGCAATGCAATGAA
30 CACAAGTGGTTGCTGAGTCTCAGCCTTGCTTTGTTAATGCCATGGCAAGTAGA
AAGGTATATCATCAACTTCTATACCTAAGAATATAGGATTGCATTTAATAATA

GTGTTTGAGGTTATATATGCACAAACACACACAGAAATATATTCATGTCTATG
TGTATATAGATCAAATGTTTTTTTTTGGTATATATAACCAGGTACACCAGAGCT
TACATATGTTTGAGTTAGACTCTTAAAATCCTTTGCCAAAATAAGGGATGGTC
AAATATATGAAACATGTCTTTAGAAAATTTAGGAGATAAATTTATTTTAAAT
5 TTTGAAACACAAAACAATTTTGAATCTTGCTCTCTTAAAGAAAGCATCTTGTA
TATTA AAAATCAAAAGATGAGGCTTTCTTACATATACATCTTAGTTG (SEQ ID
NO:50)

FIGURE 2

1 CTAAAAAATATGTTCTCTACAACACCAAGGCTCATTAAAAATATTT
46 TAAATATTAATATACATTTCTTCTGTCTCAGAAATACATAAACTTT
5 91 ATTATATCAGCGCAGGGCGGCGCGGCGTCCGTCGGGAGCAGAA
136 CCCGGCTTTTTCTTGGAGCGACGCTGTCTCTAGTCGCTGATCCCA

181 AATGCACCGGCTCATCTTTGTCTACACTCTAATCTGCGCAAACTT
MetHisArgLeuIlePheValTyrThrLeuIleCysAlaAsnPhe
10 226 TTGCAGCTGTCTGGGACACTTCTGCAACCCCGCAGAGCGCATCCAT
CysSerCysArgAspThrSerAlaThrProGlnSerAlaSerIle

271 CAAAGCTTTGCGCAACGCCAACCTCAGGCGAGATGAGAGCAATCA
15 LysAlaLeuArgAsnAlaAsnLeuArgArgAspGluSerAsnHis
316 CCTCACAGACTTGTACCGAAGAGATGAGACCATCCAGGTGAAAGG
LeuThrAspLeuTyrArgArgAspGluThrIleGlnValLysGly

361 AAACGGCTACGTGCAGAGTCCTAGATTCCCGAACAGCTACCCAG
20 AsnGlyTyrValGlnSerProArgPheProAsnSerTyrProArg
406 GAACCTGCTCCTGACATGGCGGCTTCACTCTCAGGAGAATACACG
AsnLeuLeuLeuThrTrpArgLeuHisSerGlnGluAsnThrArg
25 451 GATACAGCTAGTGTGTTGACAATCAGTTTGGATTAGAGGAAGCAGA
IleGlnLeuValPheAspAsnGlnPheGlyLeuGluGluAlaGlu
496 AAATGATATCTGTAGGTATGATTTTGTGGAAGTTGAAGATATATC
30 AsnAspIleCysArgTyrAspPheValGluValGluAspIleSer
541 CGAAACCAGTACCATTATTAGAGGACGATGGTGTGGACACAAGGA
GluThrSerThrIleIleArgGlyArgTrpCysGlyHisLysGlu

586 AGTTCCTCCAAGGATAAAATCAAGAACGAACCAAATTAAAATCAC
35 ValProProArgIleLysSerArgThrAsnGlnIleLysIleThr
631 ATTCAAGTCCGATGACTACTTTGTGGCTAAACCTGGATTCAAGAT
PheLysSerAspAspTyrPheValAlaLysProGlyPheLysIle
40 676 TTATTATTCTTTGCTGGAAGATTCCAACCCGCAGCAGCTTCAGA
TyrTyrSerLeuLeuGluAspPheGlnProAlaAlaAlaSerGlu

721 GACCAACTGGGAATCTGTCACAAGCTCTATTTTCAGGGGTATCCTA
ThrAsnTrpGluSerValThrSerSerIleSerGlyValSerTyr

5 766 TAACTCTCCATCAGTAACGGATCCCACTCTGATTGCGGATGCTCT
AsnSerProSerValThrAspProThrLeuIleAlaAspAlaLeu

811 GGACAAAAAATTGCAGAATTTGATACAGTGGAAGATCTGCTCAA
AspLysLysIleAlaGluPheAspThrValGluAspLeuLeuLys

10 856 GTACTTCAATCCAGAGTCATGGCAAGAAGATCTTGAGAATATGTA
TyrPheAsnProGluSerTrpGlnGluAspLeuGluAsnMetTyr

901 TCTGGACACCCCTCGGTATCGAGGCAGGTCATACCATGACCGGAA
LeuAspThrProArgTyrArgGlyArgSerTyrHisAspArgLys

946 GTCAAAAGTTGACCTGGATAGGCTCAATGATGATGCCAAGCGTTA
SerLysValAspLeuAspArgLeuAsnAspAlaLysArgTyr

991 CAGTTGCACTCCCAAGGAATTACTCGGTCAATATAAGAGAAGAGCT
SerCysThrProArgAsnTyrSerValAsnIleArgGluGluLeu

1036 GAAGTTGGCCAATGTGGTCTTCTTTCCACGTTGCCTCCTCGTGCA
LysLeuAlaAsnValValPhePheProArgCysLeuLeuValGln

1081 GCGCTGTGGAGGAAATTGTGGCTGTGGAAGTGTCAACTGGAGGTC
ArgCysGlyGlyAsnCysGlyCysGlyThrValAsnTrpArgSer

1126 CTGCACATGCAATTCAGGGAAAACCGTGAAAAAGTATCATGAGGT
CysThrCysAsnSerGlyLysThrValLysLysTyrHisGluVal

1171 ATTACAGTTTGAGCCTGGCCACATCAAGAGGAGGGGTAGAGCTAA
LeuGlnPheGluProGlyHisIleLysArgArgGlyArgAlaLys

1216 GACCATGGCTCTAGTTGACATCCAGTTGGATCACCATGAACGATG
ThrMetAlaLeuValAspIleGlnLeuAspHisHisGluArgCys

1261 TGATTGTATCTGCAGCTCAAGACCACCTCGATAAGAGAATGTGCA
AspCysIleCysSerSerArgProProArg (SEQ ID NO:12)

1306 CATCCTTACATTAAGCCTGAAAGAACCCTTTAGTTTAAGGAGGGTG

1351 AGATAAGAGACCCTTTTCCTACCAGCAACCAAACCTTACTACTAGC

1396 CTGCAATGCAATGAACACAAGTGGTTGCTGAGTCTCAGCCTTGCT

FIGURE 3

A -- Cur2 1.6 heavy chain nucleotide sequence

5 GAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCCTGGTCAAGCCTGGGGGGTCCC
TGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTCAACTTCAGAACCTATAACATGAAC
TGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCATCCATTAGTA
GTAGTAGTAGTAACATATACTACGCAGACTCAGTGAAGGGCCGATTACCAT
CTCCAGAGACAACGCCAAGAACTCACTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGA
10 GCCGAGGACACGGCTGTATATTACTGTGCGAGAGATATTATGATTACGTTTG
GGGAATTATCGCCTCGTTCTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTC
ACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:55)

B -- Cur2 1.6 heavy chain amino acid sequence

15 EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFNFRITYNMNWVRQAPGKGLEWVSSISS
SSNIYYADSVKGRFTISRDNKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDIMITFGGIAS
FYFDYWGQGLTVTVSS (SEQ ID NO:13)

20 C -- Cur2 1.6 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG
TTTCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA
25 GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAAGCGCAGTGGATCTGGGACAGA
ATTCATCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT
GTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGA
GATCAAAC (SEQ ID NO:56)

30 D -- Cur2 1.6 light chain amino acid sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWFQQKPGKAPKRLIYAASSLQ
SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGTKVEIK (SEQ
ID NO:14)

35

FIGURE 4

A -- Cur2 1.11 heavy chain nucleotide sequence

5 GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGGAGGCTTGATCCAGCCTGGGGGGTCCC
TGAGACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGGTTACCGTCAGTAGCAACTACATGAGC
TGGGTCCGCCAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGTTATTTATA
GCGGTGGTAGCACATACTACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTCACCATCTC
CAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTTCAAATGAACAGCCTGAGAGCC
10 GAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGGGAACGGTGACTACGAATTACTACT
ACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAG (SEQ
ID NO:57)

B -- Cur2 1.11 heavy chain amino acid sequence

15 EVQLVQSGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVIYSG
GSTYYADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAGTVTTNYYYGM
DVWGQGTITVTVSS (SEQ ID NO:15)

C -- Cur2 1.11 light chain nucleotide sequence

20 GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCCGTCACCCCTGGAGAGCC
GGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCAAAGTAATGGATAC
AACTATTTGGATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCACAGCTCCTGA
TCTATTTGGGTTCTAATCGGGCCTCCGGGGTCCCTGACAGGTTCAAGTGGCAGT
GGATCAGGCACAGATTTTACACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATG
25 TTGGGGTTTATTACTGCATGCAAGCTCTACAAACTCTCACTTTCGGCGGAGGG
ACCAAGGTGGAGATCAAAC (SEQ ID NO:58)

D -- Cur2 1.11 light chain amino acid sequence

30 DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLQSNQYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLG
SNRASGVPRDFSGSGSDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQTLTFGGGKVEI
K (SEQ ID NO:16)

FIGURE 5

A -- Cur2 1.17 heavy chain nucleotide sequence

5 CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCGGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAAGTCCC
TGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCAC
TGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGTTATATGGT
10 ATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTACCAT
CTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGA
GCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGATCAAGGATACAGATATG
CTGGTTACTACTACGACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGT
CACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:59)

15 B -- Cur2 1.17 heavy chain protein sequence

QVQLVESGGGVVQPGKSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVIW
YDGSNKYYADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQGYRYA
20 GYYDYGM DVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:17)

C -- Cur2 1.17 light chain nucleotide sequence

25 GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA
GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAAGCGCAGTGGATCTGGGACAGA
ATTCACTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT
GTCTACAGCATAATAGTTACCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGA
30 GATCAAAC (SEQ ID NO:60)

D -- Cur2 1.17 light chain protein sequence

35 DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ
SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPLTFGGGTKVEIK (SEQ
ID NO:18)

FIGURE 6

A -- Cur2 1.18 heavy chain nucleotide sequence

5 CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCA
GTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATGATATCAA
CTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATGAA
CCCAAACAGTGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACC
10 ATGACCAGGAACACCTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGA
GATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGAGGGGTATAGCAGTGGC
TGGGACATACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACG
GTCACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:61)

15 B -- Cur2 1.18 heavy chain protein sequence

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM
NPNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTA YMELSSLRSED TAVYYCAREGIAVAG
20 TYYYYYGMDVWGQGT TTVTVSS (SEQ D NO:19)

25 C -- Cur2 1.18 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG
25 TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA
GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTT CAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA
ATTCACTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTTCT
GTCTACAGCATAATAGTTACCCATTCACTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGAT
ATCAAAC (SEQ ID NO:62)

30 D -- Cur2 1.18 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ
SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISLQPEDFATYFCLQHNSYPFTFGPGTKVDIK (SEQ
35 ID NO:20)

FIGURE 7

A -- Cur2 1.19 heavy chain nucleotide sequence

5 CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAG
TGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATGATATCAAC
TGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATGAAC
CCTAACAGTGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCA
TGACCAGGAACACCTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAG
10 ATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGACGTTATGATTACGTTTG
GGGGAGTTATCGTGCCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGT
CACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:63)

B -- Cur2 1.19 heavy chain amino acid sequence

15 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM
NPNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDVAVYYCARDVMITFG
GVIVHYGMDVWGQGTITVTVSS (SEQ ID NO:21)

20 C -- Cur2 1.19 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA
25 GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTTACGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA
TTTCACTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT
GTCTACAGCATAATAGTGACCCGTGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTGGA
GATCAGAC (SEQ ID NO:64)

30 D -- Cur2 1.19 light chain amino acid sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ
SGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDFATYYCLQHNSDPCSFQGTGLEIR (SEQ
ID NO:22)

35

FIGURE 8

A -- Cur2 1.23 heavy chain nucleotide sequence

5 GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCT
CTGAAGATCTCCTGTGAGGGTTCTGGATACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGG
CTGGGTGCGCCAGATGCCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCTAT
CCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCA
TCTCAGCCGACAAGTCCATCAGCACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAA
10 GGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACATGTATCGTATTACTATG
TTTCGGGGAGTTATTATAACGTCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTC
ACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:65)

B -- Cur2 1.23 heavy chain amino acid sequence

15 EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCEGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIHYPG
DSDTRYSPSFQGQVTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARHVSYYYVSGS
YYNVFDYWGQGLTVTVSS (SEQ ID NO:23)

C -- Cur2 1.23 light chain nucleotide sequence

20 GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG
TATCAGCAGATACCAGGGAAAGCCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA
GTTTGCAACGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAAGCGCAGTGGATCTGGGACAGA
ATCACTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT
25 GTCTACAGCATAATAGTTACCCGTGGACGTTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGA
AATCAAAC (SEQ ID NO:66)

D -- Cur2 1.23 light chain amino acid sequence

30 DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQIPGKAPKRLIYAASSLQR
GVPSRFGSGSGTEFTLTISLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQGTKVEIK (SEQ
ID NO:24)

FIGURE 9

A -- Cur2 1.24.1 heavy chain nucleotide sequence

5 CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCC
TGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTCAGTTTCAGTAGCTATGGCATGCAC
TGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAGATATATGGT
10 ATGATGGAAGTAATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGATTACCAT
CTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGA
GCCGAGGACACGGCTGTGTATTATTGTGCGAGAGATCAGGGATACAGCTATG
GTTACGTCTACTACGACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGT
CACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:67)

15 B -- Cur2 1.24.1 heavy chain protein sequence

QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFSFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVADIW
YDGSNKYYADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMSLRAEDTAVYYCARDQGYSYG
YVYYDYGMDVWGQGTITVSS (SEQ ID NO:25)

20 C -- Cur2 1.24.1 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG
25 TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA
GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTACGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA
GTTCACTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT
GTCTACAGCATAATAGTTACCCGTGGACGTTCCGGCCAAGGGACCAAGGTGGA
AATCAAAC (SEQ ID NO:68)

30 D -- Cur2 1.24.1 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ
SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQGTKVEIK (SEQ
35 ID NO:26)

FIGURE 10

A -- Cur2 1.25.1 heavy chain nucleotide sequence

5 GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCT
CTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGGATACAGGTTTACCAGCTACTGGATCGG
CTGGGTGCGCCAGATGCCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCTAT
CCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCTTCCAAGGCCAGGTCACCA
TCTCAGCCGACAAGTCCATCAGCACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAA
10 GGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACATGGATCGTATTATTATG
GTTTCGGAGACTTATTATAATGTCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTC
ACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:69)

B -- Cur2 1.25.1 heavy chain protein sequence

15 EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYRFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIYPG
DSDTRYSPSFQGQVTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARHGSYYYGSET
YYNVFDYWGGTLVTSS (SEQ ID NO:27)

20 C -- Cur2 1.25.1 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA
25 GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA
ATTCATCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT
GTCTACAGCATAATAGTTACCCGTGGACGTTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGA
AATCAAAC (SEQ ID NO:70)

30 D -- Cur2 1.25.1 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ
SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQGTKVEIK (SEQ
ID NO:28)

35

FIGURE 11

A -- Cur2 1.29 heavy chain nucleotide sequence

5 GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCT
CTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGGATACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGG
CTGGGTGCGCCAGATGCCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCTAT
CCTGGTGACTCTGATACCAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGCCACCA
TCTCAGCCGACAAGTCCATCAGCACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAA
10 GGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACACGTGGATGTAGGGGCT
ACGATTGGGGGATATTACTATTACTACCACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAG
GGACCACGGTCACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:71)

B -- Cur2 1.29 heavy chain protein sequence

15 EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPG
DSDTRYSPSFQGGQATISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYICARHVDVGATIGG
YYYYYHGMDVWGQGTITVTVSS (SEQ ID NO:29)

20 C -- Cur2 1.29 light chain nucleotide sequence

GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCCTGGAGAGCC
GGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGTAATGGATACA
ACTATTTGGATTGGTACCTGCAGAAGCCAGGGCAGTCTCCACAACCTCCTGATC
25 TATTTGGGTTCTAATCGGGCCTCCGGGGTCCCTGACAGGTTTCAGTGGCAGTGG
ATCAGGCACAGATTTTACACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGACGATGTT
GGGGTTTATTACTGCATGCAAGCTCTACAATCTCTCATGTGCAGTTTGGCCA
GGGGACCAAGCTGGAGATCAAAC (SEQ ID NO:72)

30 D -- Cur2 1.29 light chain protein sequence

DIVMTQSPLSLPVTTPGEPASISCRSSQSLHNSNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLIYLG
SNRASGVPDRFSGSGSGTDFTLKISRVEADDVGIVYCMQALQSLMCSFGQGTKL
EIK (SEQ ID NO:30)

35

FIGURE 12

A -- Cur2 1.33 heavy chain nucleotide sequence

5 CAGGTTTCAGCTGGTGCAGTCGGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAG
TGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACACCTTTACCAGCTATGGTATCAGC
TGGGTGCGACAGGCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAGCG
CTTACAATGGTAACACAACTATGCACAGAAGCTCCAGGGCAGAGTCACCAT
GACCACAGACACATCCACGAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAG
10 ATCTGACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATCATTACTATGATAGT
AGTGATTATCTCTACTACTACTACGGTTTGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCAC
GGTCACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:73)

B -- Cur2 1.33 heavy chain protein sequence

15 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISA
YNGNTNYAQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARDHYDSS
DYLYYYYGLDVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:31)

20 C -- Cur2 1.33 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG
AGTCACCATCACTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTATTTAGCCTGGT
ATCAGCAGAAACCAGGGAAAGTTCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCAC
25 TTTGCAATCAGGGGTCCCATCTCGGTTCAAGTGGCAGTGGATCTGGGACAGATT
TCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATGTTGCAACTTATTACTGT
CAAAAGTATAACAGTGCCCCGCTCACTTTCGGCGGAGGGACCAAGGTGGAGA
TCAAAC (SEQ ID NO:74)

30 D -- Cur2 1.33 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQQKPGKVPKLLIYAASLTQ
SGVPSRFSGSGSGTDFLTITSLQPEDVATYYCQKYNAPLTFGGGTKVEIK (SEQ
ID NO:32)

35

FIGURE 13

A -- Cur2 1.38.1 heavy chain nucleotide sequence

5 CAGGTGCAGCTGGTGGAGTCGGGGGGAGGCGTGGTCCAGCCTGGGAGGTCCC
TGAGACTCTCCTGTGCAGCGTCTGGATTACCTTCAGTAGCTATGGCATGCAC
TGGGTCCGCCAGGCTCCAGGCAAGGGGCTGGAGTGGGTGGCAATTATATGGT
ATGATGGAAATGATAAATACTATGCAGACTCCGTGAAGGGCCGCTTCACCGT
CTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCTGCAAATGAACAGCCTGAGA
10 GCCGAGGACACGGCTGTGTATTACTGTGCGAGAGGATATTACTATGATAGTA
GTGATTATCTCTACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCAC
GGTCACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:75)

B -- Cur2 1.38.1 heavy chain protein sequence

15 QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAIIWY
DGNDKYYADSVKGRFTVSRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGYYYDSS
DYLYYYYGMDVWGQGTITVTVSS (SEQ ID NO:33)

20 C -- Cur2 1.38.1 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG
AGTCACCATCACTTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATTATTTAGCCTGGT
ATCAGCAGAAACCAGGGAAAGTTCCTAACCTCCTGATCTATGCTGCATCCAC
25 TTTGCAATCAGGGGTCCCATCTCGGTTTCAGTGGCAGTGGATCTGGGACAGATT
TCTCTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATGTTGCAGCTTATTACTGT
CAAAAGTGTAACAGTGCCCCGTGGACGTTTCGGCCAAGGGACCACGGTGGAG
ATCAAAC (SEQ ID NO:76)

30 D -- Cur2 1.38.1 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQQKPGKVPNLLIYAASLTQ
SGVPSRFSGSGSGTDFSLTISSLQPEDVAAYYCQKCNSAPWTFGQGTVEIK (SEQ
ID NO:34)

35

FIGURE 14

A -- Cur2 1.39.1 heavy chain nucleotide sequence

5 GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGAACAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCT
CTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGGATACAGGTTTACCAGCTACTGGATCGG
CTGGGTGCGCCAGATGCCCCGGGAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCTAT
CCTGGTGACTCTGATACAGATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCA
TCTCAGCCGACAAGTCCATCAGCACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAA
10 GGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACATGGATCGTATTACTATA
ATTCGGGGAGTTATTATAACGTCTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTC
ACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:77)

B -- Cur2 1.39.1 heavy chain protein sequence

15 EVQLVQSGTEVKKPGESLKISCKGSGYRFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIHYPG
DSDTRYSPSFQGVVISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARHGSYYNSGS
YYNVFDYWGQGTLLTVSS (SEQ ID NO:35)

20 C -- Cur2 1.39.1 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATCTATGCTGCATCCA
25 GTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA
ATTCACTCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT
GTCTACAGCATAATAGTTACCCGTGGACGTTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGA
AATCAAAC (SEQ ID NO:78)

30 D -- Cur2 1.39.1 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ
SGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQGTKVEIK (SEQ
ID NO:36)

35

FIGURE 15

A -- Cur2 1.40.1 heavy chain nucleotide sequence

5 CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCA
GTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCACTTATGATATCAA
CTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATGAA
CCCTAACAGTGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACC
ATGACCAGGAACACCTCCCTAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGA
10 GATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATATTGTAGTGGTGGT
AGCTGCTACCACTACTACAACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACG
GTCACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:79)

B -- Cur2 1.40.1 heavy chain protein sequence

15 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKKASGYTFTTYDINWVRQATGQGLEWMGWM
NPNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSLSTAYMELSSLRSEDVAVYYCARDIVVVV
AATNYYNGMDVWGQGTITVTVSS (SEQ ID NO:37)

20

FIGURE 16

A -- Cur2 1.45 heavy chain nucleotide sequence

5 CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCA
GTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATGATATCAA
CTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATGAA
CCCTAACAGTGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACC
ATGACCAGGAACACCTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGA
10 GATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGGCAGTGGATACAGCTA
TGGTTACGACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTC
ACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:80)

B -- Cur2 1.45 heavy chain protein sequence

15 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM
NPNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDVAVYYCARGSGYSYG
YDYYYGMDVWGQGTITVTVSS (SEQ ID NO:38)

20 C -- Cur2 1.45 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG
AGTCACCATCAATTGCCGGGCGAGTCAGGGCATTAGCAATGATTTAGCCTGG
TATCAGCAGAAACCAGGGGAAAGTTCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCA
25 CTTTGCAATTAGGGGTCCCATCTCGGTTCAAGTGGCAGTGGATCTGGGACAGAT
TTCATCTCACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATGTTGCAACTTATTACTG
TCAAAAGTATAACAGTGCCCCATTCATTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTGGAT
ATCAAAC (SEQ ID NO:81)

30 D -- Cur2 1.45 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTINCRASQGISNDLAWYQQKPGKVPKLLIYAASLTQ
LGVPSRFSGSGSGTDFTLTISLQPEDVATYYCQKYNAPFTFGPGTKVDIK (SEQ
ID NO:39)

35

FIGURE 17

A -- Cur2 1.46.1 heavy chain nucleotide sequence

5 CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCA
GTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACTCCTTCACCAGTTATGATATCAA
CTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATGAA
CCCTAACAATGGTAACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACC
ATGACCAGGAACACCTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGA
10 GATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATATTGTAGTGGTGGT
AACTGCTACGACTACTACTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACG
GTCACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:82)

B -- Cur2 1.46.1 heavy chain protein sequence

15 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYSTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM
NPNNGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARDIVVVVT
ATDYYYGMDVWGQGTTVTVSS (SEQ ID NO:40)

20 C -- Cur2 1.46.1 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCCTCCCTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG
AGTCACCATCACTTGCCGGGCAAGTCAGGGCATTAGAAATGATTTAGGCTGG
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCGCCTGATTTTTGCTGCATCCA
25 GTTTGCCAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA
ATTCATCTCACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACT
GTCTACAGCATAGTGGTTACCCTCCGACGTTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGA
AATCAAAC (SEQ ID NO:83)

30 D -- Cur2 1.46.1 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIFAASSLPS
GVPSRFSGSGSGTEFTLTISLQPEDFATYYCLQHSGYPPTFGQGTKVEIK (SEQ ID
NO:41)

35

FIGURE 18

A -- Cur2 1.48.1 heavy chain nucleotide sequence

5 CAGGTTTCAGCTGGTGCAGTCGGGAGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAG
TGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGTTACACCTTTACCAGCTATGGTATCAGC
TGGGTGCGACAGGCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATCAGCG
CTTACAATGGTAACACAACTATGCACAGAAGCTCCAGGGCAGAGTCACCAT
GACCACAGACACATCCACGAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGGAGCCTGAG
10 ATCTGACGACACGGCCGTGTATTACTGTGCGAGAGATGTTGAATATTACTATG
ATGGTAGTGGTTATTACTACTTTGACTACTGGGGCCAGGGAACCCTGGTCACC
GTCTCCTCAG (SEQ ID NO:84)

B -- Cur2 1.48.1 heavy chain protein sequence

15 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISA
YNGNTNYAQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARDVEYYD
GSGYYYFDYWGGQGLTVTVSS (SEQ ID NO:42)

20 C -- Cur2 1.48.1 light chain nucleotide sequence

GACATCCAGATGACCCAGTCTCCATCTTCCGTGTCTGCATCTGTAGGAGACAG
AGTCACCATCACTTGTTCGGGCGAGTCAGGGTATTAGCAGCTGGTTAGCCTGG
TATCAGCAGAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGATCTATGCTGCATCCA
25 TTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTACGCGGCAGTGGATCTGGGACAGA
TTTCACTCTCACCATCAGCAGCCTGCAGCCTGAGGATTTTGCATCTTACTATT
GTCAACAGTCTAACAGTTTCCCTCGGACGTTTCGGCCAAGGGACCAAGGTGGA
GATCAAAC (SEQ ID NO:85)

30 D -- Cur2 1.48.1 light chain protein sequence

DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGISSWLAWYQQKPGKAPKLLIYAASILQ
SGVPSRFSGSGSGTDFLTITSLQPEDFASYCQSNSEFRTFGQGTKVEIK (SEQ
ID NO:43)

35

FIGURE 19

A -- Cur2 1.49.1 heavy chain nucleotide sequence

5 CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCA
GTGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATGATATCAA
CTGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATGAA
CCCTAACAGTGGTGACACAGGCTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACC
ATGACCAGGAACACCTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGA
10 GATCTGAGGACACGGCCGTGTATTTCTGTGCGAGAATGAGGGATATAGTGGC
TACGAGCTATTACTACTTCTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACC
ACGGTCACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:86)

B -- Cur2 1.49.1 heavy chain protein sequence

15 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM
NPNSGDTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDVAVYFCARMRDIVAT
SYYYFYGMVWGQGTITVTVSS (SEQ ID NO:44)

20 C -- Cur2 1.49.1 light chain nucleotide sequence

GATATTGTGATGACTCAGTCTCCACTCTCCCTGCCCGTCACCCCTGGAGAGCC
GGCCTCCATCTCCTGCAGGTCTAGTCAGAGCCTCCTGCATAGTAATGGATACA
ACTATTTGGATTGGTACCTGCTGAAGCCAGGGCAGTCTCCACAGCTCCTGATC
25 TATTTGGGTTCTAGTCGGGCCTCCGGGGTCCCTGACAGGTTTCAGTGGCAGTGG
ATCAGGCACAGATTTTACACTGAAAATCAGCAGAGTGGAGGCTGAGGATGTT
GGGGTTTATTACTGCATGCAAACCTCTACAACTATCACCTTCGGCCAAGGGA
CACGACTGGAGATTAAAC (SEQ ID NO:87)

30 D -- Cur2 1.49.1 light chain protein sequence

DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLSNGYNYLDWYLLKPGQSPQLLIYLG
SSRASGVDPDRFSGSGSDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQTLQTITFGQGRLEIK
(SEQ ID NO:45)

35

FIGURE 20

A -- Cur2 1.51 heavy chain nucleotide sequence

5 GAGGTGCAGCTGGTGCAGTCGGGAGCTGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCT
CTGAAGATCTCCTGTAAGGGTTCTGGATACAGCTTTACCAGCTACTGGATCGG
CTGGGTGCGCCAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCTAT
CCTGGTGACTCTGATGCCAAATACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCA
TCTCAGCCGACAAGTCCATCAGCACCGCCTACCTGCAGTGGAGCAGCCTGAA
10 GGCCTCGGACACCGCCATGTATTACTGTGCGAGACACTATGATTACGTTTGA
GGAATTATCGGTATACAGGGTGGTTCGACCCCTGGGGCCAGGGAACCCTGGT
CACCGTCTCCTCAG (SEQ ID NO:88)

B -- Cur2 1.51.1 heavy chain protein sequence

15 EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIYPG
DSDAKYSPSFQGQVTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYICARHYDYVWRNY
RYTGWFDPWGQGLVTVSS (SEQ ID NO:46)

20 C -- Cur2 1.51.1 light chain nucleotide sequence

GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAG
AGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGCAGCAGCTACTTAGCC
TGGTACCAGCAGAAACCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGGTGCAT
25 CCAACAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGAC
AGACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATT
ACTGTCAGCAGTATGGTAGCTCACTATTCACCTTTCGGCCCTGGGACCAAAGTG
GATATCAAAC (SEQ ID NO:89)

30 D -- Cur2 1.51.1 light chain protein sequence

EIVLTQSPGTLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGASNRA
TGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSLFTFGPGTKVDIK (SEQ
ID NO:47)

35

FIGURE 21

A -- Cur2 6.4 heavy chain nucleotide sequence

5 CAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAAGCCTGGGGCCTCAG
TGAAGGTCTCCTGCAAGGCTTCTGGATACACCTTCACCAGTTATGATATCAAC
TGGGTGCGACAGGCCACTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGATGGATAAAC
CCTAATAGTGGTAACACAGACTATGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCA
TGACCAGGGACACCTCCATAAGCACAGCCTACATGGAGCTGAGCAGCCTGAG
10 ATCTGAGGACACGGCCATATATTATTGTGTGAGAGGCTTTGGATACAGCTAT
AATTACGACTACTATTACGGTATGGACGTCTGGGGCCAAGGGACCACGGTCA
CCGTCTCCTCAGT (SEQ ID NO:90)

B -- Cur2 6.4 heavy chain amino acid sequence

15 QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWIN
PNSGNTDYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAIYYCVRGFGYSYNY
DYYYGMDVWGQGTITVTVSS (SEQ ID NO:48)

C -- Cur2 6.4 light chain nucleotide sequence

20 GAAATTGTGTTGACGCAGTCTCCAGGCACCCTGTCTTTGTCTCCAGGGGAAAG
AGCCACCCTCTCCTGCAGGGCCAGTCAGAGTGTTAGTAGTAGTTACTTAGCCT
GGTACCAGCAGAAGCCTGGCCAGGCTCCCAGGCTCCTCATCTATGCTACATC
CAGCAGGGCCACTGGCATCCCAGACAGGTTTCAGTGGCAGTGGGTCTGGGACA
GACTTCACTCTCACCATCAGCAGACTGGAGCCTGAAGATTTTGCAGTGTATTA
CTGTCAGCAGTATGGTAGTTACCGTGCAGTTTTGGCCAGGGGACCAAGCTG
25 GAAATCAAGC (SEQ ID NO:91)

D -- Cur2 6.4 light chain amino acid sequence

30 EIVLTQSPGTLSSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYATSSRA
TGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPCSFQGTGLEIK (SEQ
ID NO:49)

FIGURE 22A

Clone	Germline genes used				No. of Nucleotide/ Amino acid changes						
					FR1	CDR1	FR2	CDR2	FR3	CDR3	FR4
CR2		V	D	J	V					D & J	
1.19.1	VH	V1-8	D3-16	JH6B	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK2	0/0	0/0	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0
6.4.1	VH	V1-8	D5-18	JH6B	0/0	0/0	0/0	3/2	5/3	0/0	0/0
	VK	A27		JK2	0/0	3/0	1/0	2/2	0/0	1/0	0/0
1.18	VH	V1-8	D6-19	JH6B	1/0	0/0	0/0	1/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK3	0/0	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
1.40.1	VH	V1-8	D2	JH6B	1/0	1/1	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
	VK	mix									
1.45	VH	V1-8	DK4	JH6B	1/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A20		JK3	1/1	1/1	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0
1.46.1	VH	V1-8	D2	JH6B	1/0	1/1	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	2/1	1/1	0/0	2/2	0/0
1.49.1	VH	V1-8	D5-12	JH6B	1/0	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	0/0
	VK	A19		JK5	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	1/1	0/0
1.33	VH	V1-18	D21-9	JH6B	1/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A20		JK4	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.48.1	VH	V1-18	D21-9	JH4B	1/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	L5		JK1	0/0	0/0	0/0	1/1	2/1	1/1	0/0
1.6.1	VH	V3-21	D3-16	JH4B	0/0	4/4	0/0	1/1	1/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK4	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0
1.17.1	VH	V3-33	D5-18	JH6B	2/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK4	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.24.1	VH	V3-33	D5-18	JH6B	0/0	2/1	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	0/0
1.38.1	VH	V3-33	D21-9	JH6B	1/0	0/0	0/0	3/3	2/1	0/0	0/0
	VK	A20		JK1	0/0	0/0	1/1	0/0	2/2	1/1	0/0
1.11.1	VH	V3-53	D4-17	JH6B	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A19		JK4	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.23.1	VH	V5-51	D3-10	JH4B	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	0/0	0/0
1.25.1	VH	V5-51	D3-10	JH4B	1/0	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.29	VH	V5-51	D5-12	JH6B	1/0	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
	VK	A19		JK2	0/0	0/0	1/0	0/0	1/1	0/0	0/0
1.39.1	VH	V5-51	D3-10	JH4B	2/1	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.51.1	VH	5-51	D3-16	JH5B	2/0	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	0/0
	VK	A27		JK3	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0

FIGURE 22B

Clone	Germline genes used				No. of Nucleotide/ Amino acid changes						
					FR1	CDR1	FR2	CDR2	FR3	CDR3	FR4
CR2		V	D	J	V					D & J	
1.40.1	VH	V1-8	D2	JH6B	1/0	1/1	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
	VK	mix									
1.48.1	VH	V1-18	D21-9	JH4B	1/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	L5		JK1	0/0	0/0	0/0	1/1	2/1	1/1	0/0
1.49.1	VH	V1-8	D5-12	JH6B	1/0	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	0/0
	VK	A19		JK5	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	1/1	0/0
1.11.1	VH	V3-53	D4-17	JH6B	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A19		JK4	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.29	VH	V5-51	D5-12	JH6B	1/0	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
	VK	A19		JK2	0/0	0/0	1/0	0/0	1/1	0/0	0/0
1.45	VH	V1-8	DK4	JH6B	1/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A20		JK3	1/1	1/1	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0
1.33	VH	V1-18	D21-9	JH6B	1/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A20		JK4	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.38.1	VH	V3-33	D21-9	JH6B	1/0	0/0	0/0	3/3	2/1	0/0	0/0
	VK	A20		JK1	0/0	0/0	1/1	0/0	2/2	1/1	0/0
6.4.1	VH	V1-8	D5-18	JH6B	0/0	0/0	0/0	3/2	5/3	0/0	0/0
	VK	A27		JK2	0/0	3/0	1/0	2/2	0/0	1/0	0/0
1.51.1	VH	5-51	D3-16	JH5B	2/0	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	0/0
	VK	A27		JK3	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0
1.19.1	VH	V1-8	D3-16	JH6B	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK2	0/0	0/0	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0
1.18	VH	V1-8	D6-19	JH6B	1/0	0/0	0/0	1/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK3	0/0	0/0	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
1.6.1	VH	V3-21	D3-16	JH4B	0/0	4/4	0/0	1/1	1/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK4	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0
1.23.1	VH	V5-51	D3-10	JH4B	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	1/1	1/1	0/0	0/0	0/0
1.25.1	VH	V5-51	D3-10	JH4B	1/0	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.39.1	VH	V5-51	D3-10	JH4B	2/1	1/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.17.1	VH	V3-33	D5-18	JH6B	2/1	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK4	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0
1.24.1	VH	V3-33	D5-18	JH6B	0/0	2/1	0/0	1/1	0/0	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	0/0	0/0	1/0	0/0	0/0
1.46.1	VH	V1-8	D2	JH6B	1/0	1/1	0/0	0/0	1/1	0/0	0/0
	VK	A30		JK1	0/0	0/0	2/1	1/1	0/0	2/2	0/0

FIGURE 23

Figure 23A

									Section 1	
	(1)	1	10	20	30	40	51			
CUR2-1.6.1_HC	(1)	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFNFR								TYMNNWVRQAPGKGLEWVSSI
VH3-21	(1)	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGFTFS								SYSMNNWVRQAPGKGLEWVSSI
Consensus	(1)	EVQLVESGGGLVKPGGSLRLSCAASGF								F SY MNNWVRQAPGKGLEWVSSI
									Section 2	
	(52)	52	60	70	80	90	102			
CUR2-1.6.1_HC	(52)	SSSSSNIIYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDIMI								
VH3-21	(52)	SSSSSYIYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR----								
Consensus	(52)	SSSSS IYADSVKGRFTISRDNAKNSLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR								
									Section 3	
	(103)	103	110	126						
CUR2-1.6.1_HC	(103)	TFGGIIASFYFDYWGGQGLTVTVSS								
VH3-21	(99)	-----								
Consensus	(103)									

Figure 23B

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	51
CUR2-1.6.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRTITCRASQGI					RNDLGWFQQKPGKAPKRLIYAA
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRTITCRASQGI					RNDLGWFQQKPGKAPKRLIYAA
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRTITCRASQGI					RNDLGWFQQKPGKAPKRLIYAA
							Section 2
	(52)	52	60	70	80	90	102
CUR2-1.6.1_LC	(52)	SSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTIS					SLQPEDFATYYCLOHNSYP
A30	(52)	SSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTIS					SLQPEDFATYYCLOHNSYP-----
Consensus	(52)	SSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTIS					SLQPEDFATYYCLOHNSYP
							Section 3
	(103)	103	107				
CUR2-1.6.1_LC	(103)	KVEIK					
A30	(96)	-----					
Consensus	(103)						

FIGURE 24

Figure 24A

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	51
Cur2-1.11.1_HC	(1)	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVI					
VH3-53	(1)	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVI					
Consensus	(1)	EVQLVESGGGLIQPGGSLRLSCAASGFTVSSNYMSWVRQAPGKGLEWVSVI					
							Section 2
	(52)	52	60	70	80	90	102
Cur2-1.11.1_HC	(52)	YSGGSTYYADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAGTVTTN					
VH3-53	(52)	YSGGSTYYADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCAR-----					
Consensus	(52)	YSGGSTYYADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCA					
							Section 3
	(103)	103	110	120			
Cur2-1.11.1_HC	(103)	YYYGMDVWGQGTTVTVSS					
VH3-53	(98)	-----					
Consensus	(103)						

Figure 24B

										Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	51			
CUR2-1.11.1_LC	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLQSN GYN YLDWYLQKPGQSEFQL								
A19	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLLH S N GYN YLDWYLQKPGQSEFQL								
Consensus	(1)	DIVMTQSPLSLPVTPGEPASISCRSSQSLL S N GYN YLDWYLQKPGQSEFQL								
										Section 2
	(52)	52	60	70	80	90	102			
CUR2-1.11.1_LC	(52)	LIYLGSNRASGV PDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQTLTF								
A19	(52)	LIYLGSNRASGV PDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQTF--								
Consensus	(52)	LIYLGSNRASGV PDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQT								
										Section 3
	(103)	103	111							
CUR2-1.11.1_LC	(103)	GGGTRKVEIK								
A19	(101)	-----								
Consensus	(103)									

FIGURE 25

Figure 25A

									Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	51		
CR2-1.17.1 HC	(1)	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFS	SSYGMHWVRQAPGKGL	EWVAVI					
VH3-33	(1)	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFS	SSYGMHWVRQAPGKGL	EWVAVI					
Consensus	(1)	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFS	SSYGMHWVRQAPGKGL	EWVAVI					
									Section 2
	(52)	52	60	70	80	90	102		
CR2-1.17.1 HC	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRFTISRDN	SKNTLYLQMNSLRAEDTAV	YYCARDQGY					
VH3-33	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRFTISRDN	SKNTLYLQMNSLRAEDTAV	YYCAR----					
Consensus	(52)	WYDGSNKYYADSVKGRFTISRDN	SKNTLYLQMNSLRAEDTAV	YYCAR					
									Section 3
	(103)	103	110	126					
CR2-1.17.1 HC	(103)	RYAGYYDYDGM	VMWGQGT	TVT	VSS				
VH3-33	(99)	-----							
Consensus (103)									

Figure 25B

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	52
CR2-1.17.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGD	RVTTITCRASQGI	RNDLGWYQQKPGK	APKRLIYAAS		
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGD	RVTTITCRASQGI	RNDLGWYQQKPGK	APKRLIYAAS		
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGD	RVTTITCRASQGI	RNDLGWYQQKPGK	APKRLIYAAS		
							Section 2
	(53)	53	60	70	80	90	104
CR2-1.17.1_LC	(53)	SLQSGVPSRFS	SGSGSGTEFTLT	TISSLQPEDFAT	YYC	LQHN	SYPLTFGGG
A30	(53)	SLQSGVPSRFS	SGSGSGTEFTLT	TISSLQPEDFAT	YYC	LQHN	SYF-----
Consensus	(53)	SLQSGVPSRFS	SGSGSGTEFTLT	TISSLQPEDFAT	YYC	LQHN	SYF
							Section 3
	(105)	105	107				
CR2-1.17.1_LC	(105)	EIK					
A30	(96)	---					
Consensus	(105)						

FIGURE 26

Figure 26A

--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

Figure 26B

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	53
CR2-1.18_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASS					
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASS					
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASS					
							Section 2
	(54)	54	60	70	80	90	106
CR2-1.18_LC	(54)	LQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYFCLQHNSYPFTFGPGTRVDI					
A30	(54)	LQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYFCLQHNSYP-----					
Consensus	(54)	LQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYFCLQHNSYP					
							Section 3
	(107)	107					
CR2-1.18_LC	(107)	K					
A30	(96)	-					
Consensus	(107)						

FIGURE 27

Figure 27A

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	52
Cur2-1 19.1 hc	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMN					
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMN					
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMN					
							Section 2
	(53)	53	60	70	80	90	104
Cur2-1.19.1 hc	(53)	PNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDFAVYYCARDVMITF					
VH1-8	(53)	PNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDFAVYYCAR-----					
Consensus	(53)	PNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDFAVYYCAR					
							Section 3
	(105)	105	110	126			
Cur2-1 19.1 hc	(105)	GGVIVHYGMDVWGQGTITVTVSS					
VH1-8	(99)	-----					
Consensus	(105)						

Figure 27B

								Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	52	
Cur2-1 19.1_lc	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPKGKAPKRLIYAAS						
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPKGKAPKRLIYAAS						
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPKGKAPKRLIYAAS						
								Section 2
	(53)	53	60	70	80	90	104	
Cur2-1.19.1_lc	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTITSSLPEDFATYYCLQHNSDPCSFQGQTKL						
A30	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTITSSLPEDFATYYCLQHNSYP-----						
Consensus	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTITSSLPEDFATYYCLQHNS P						
								Section 3
	(105)	105	107					
Cur2-1 19.1_lc	(105)	EIR						
A30	(96)	---						
Consensus	(105)							

FIGURE 28

Figure 28A

Section 1							
	(1)	1	10	20	30	40	51
Cur2-1.23.1_HC	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCBGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII					
VH5-51	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII					
Consensus	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISC GSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII					
Section 2							
	(52)	52	60	70	80	90	102
Cur2-1.23.1_HC	(52)	YFGDS DTRYSPSFQGVTTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYVCARHVS Y					
VH5-51	(52)	YFGDS DTRYSPSFQGVTTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYVCAR----					
Consensus	(52)	YFGDS DTRYSPSFQGVTTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYVCAR					
Section 3							
	(103)	103	110	126			
Cur2-1.23.1_HC	(103)	YYVSGSYNVFDYWGQGT LVT VSS					
VH5-51	(99)	-----					
Consensus	(103)						

5

Figure 28B

								Section 1	
	(1)	1	10	20	30	40	51		
Cur2-1.23.1 LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRTTITCRASQGIRNDLGWYQQIPGKAPKRLIYAA							
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRTTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAA							
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRTTITCRASQGIRNDLGWYQQ PGKAPKRLIYAA							
								Section 2	
	(52)	52	60	70	80	90	102		
Cur2-1.23.1 LC	(52)	SSLQAGVPSRFSGSGSGTEFTLTISLSLPEDFATYYCLOHNSYPWTFGQGT							
A30	(52)	SSLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISLSLPEDFATYYCLOHNSYP-----							
Consensus	(52)	SSLQ GVPSPRFSGSGSGTEFTLTISLSLPEDFATYYCLOHNSYP							
								Section 3	
	(103)	103	107						
Cur2-1.23.1 LC	(103)	KVEIK							
A30	(96)	-----							
Consensus	(103)								

10

FIGURE 29

Figure 29A

--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

5

Figure 29B

								Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	52	
CR2-1.24.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGVDRVITTCRASQGIRNDLGWYQQKPKAPKRLIYAAS						
A30	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGVDRVITTCRASQGIRNDLGWYQQKPKAPKRLIYAAS						
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGVDRVITTCRASQGIRNDLGWYQQKPKAPKRLIYAAS						
								Section 2
	(53)	53	60	70	80	90	104	
CR2-1.24.1_LC	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISLQPEDFATYYCLOHNSYPWTFQGQTKV						
A30	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISLQPEDFATYYCLOHNSYP-----						
Consensus	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISLQPEDFATYYCLOHNSYP						
								Section 3
	(105)	1067						
CR2-1.24.1_LC	(105)	EIK						
A30	(96)	---						
Consensus	(105)							

10

FIGURE 30

Figure 30A

						Section 1	
	(1)	1	10	20	30	40	51
VH5-51	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII					
CR2-1.25.1_HC	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYRFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII					
Consensus	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGY FTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII					
						Section 2	
	(52)	52	60	70	80	90	102
VH5-51	(52)	YPGDS DTRYSPSFQGGQVTISADKSI STAYLQWSSLKASDTAMYYCAR----					
CR2-1.25.1_HC	(52)	YPGDS DTRYSPSFQGGQVTISADKSI STAYLQWSSLKASDTAMYYCARHGSY					
Consensus	(52)	YPGDS DTRYSPSFQGGQVTISADKSI STAYLQWSSLKASDTAMYYCAR					
						Section 3	
	(103)	103	110	126			
VH5-51	(99)	-----					
CR2-1.25.1_HC	(103)	YVGSEYYNVFDYWGQGLVTVSS					
Consensus	(103)						

Figure 30B

Section 1									
	(1)	1	10	20	30	40	50		
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGI RNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAAS							
CR2-1.25.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGI RNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAAS							
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGI RNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAAS							
Section 2									
	(53)	53	60	70	80	90	100		
A30	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTIS SLQPEDFATYYCLQHNSYP-----							
CR2-1.25.1_LC	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTIS SLQPEDFATYYCLQHNSYPWTFGQGTKV							
Consensus	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTIS SLQPEDFATYYCLQHNSYP							
Section 3									
	(105)	1067							
A30	(96)	---							
CR2-1.25.1_LC	(105)	EIK							
Consensus	(105)								

FIGURE 31

Figure 31A

		Section 1				
	(1)	1	10	20	30	40
VH5-51	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIY				
CR2-1.29_HC	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIY				
Consensus	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIY				
		Section 2				
	(53)	53	60	70	80	90
VH5-51	(53)	PGDS DTRYSPSPQGQVTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCAR-----				
CR2-1.29_HC	(53)	PGDS DTRYSPSPQGQATISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARHVDVGA				
Consensus	(53)	PGDS DTRYSPSPQGQ TISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCAR				
		Section 3				
	(105)	105	110	129		
VH5-51	(99)	-----				
CR2-1.29_HC	(105)	TIGGYYYYYHGM DVWGQGT VTVVSS				
Consensus	(105)					

Figure 31B

		Section 1				
	(1)	1	10	20	30	40
A19	(1)	DIVMTQSPLSLPVTTPGEPASISCRSSQSLLHSHNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLI				
CR2-1.29_LC	(1)	DIVMTQSPLSLPVTTPGEPASISCRSSQSLLHSHNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLI				
Consensus	(1)	DIVMTQSPLSLPVTTPGEPASISCRSSQSLLHSHNGYNYLDWYLQKPGQSPQLLI				
		Section 2				
	(54)	54	60	70	80	90
A19	(54)	YLGSNRASGVDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVVYCMQALQTP-----				
CR2-1.29_LC	(54)	YLGSNRASGVDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVVYCMQALQSLMCSFGQ				
Consensus	(54)	YLGSNRASGVDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVVYCMQALQS				
		Section 3				
	(107)	107	113			
A19	(101)	-----				
CR2-1.29_LC	(107)	GTKLEIK				
Consensus	(107)					

FIGURE 32

Figure 32A

								Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	52	
VH1-18	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVRQAPGQGLEWMGMIS						
CR2-1.33_HC	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVRQAPGQGLEWMGMIS						
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVRQAPGQGLEWMGMIS						
								Section 2
	(53)	53	60	70	80	90	104	
VH1-18	(53)	AYNGNTNYAQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR-----						
CR2-1.33_HC	(53)	AYNGNTNYAQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARDHYYDS						
Consensus	(53)	AYNGNTNYAQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR						
								Section 3
	(105)	105	110	127				
VH1-18	(99)	-----						
CR2-1.33_HC	(105)	SDYLYYYYGLDVWGQGTTVTVSS						
Consensus	(105)							

Figure 32B

Section 1							
	(1)	1	10	20	30	40	53
A20	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGDRTTITCRASQGISNYLAWYQQKPGKVPKLLIYAAS					
CR2-1.33_LC	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGDRTTITCRASQGISNYLAWYQQKPGKVPKLLIYAAS					
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGDRTTITCRASQGISNYLAWYQQKPGKVPKLLIYAAS					
Section 2							
	(54)	54	60	70	80	90	106
A20	(54)	LQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVATYYCQKYNAP-----					
CR2-1.33_LC	(54)	LQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVATYYCQKYNAPLTPGGGTVKVEI					
Consensus	(54)	LQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDVATYYCQKYNAP					
Section 3							
	(107)	107					
A20	(96)	-					
CR2-1.33_LC	(107)	K					
Consensus	(107)						

FIGURE 34

Figure 34A

--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

5

Figure 34B

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	52
A30	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRTITCRASQGI RNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAAS					
CR2-1.39 1_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRTITCRASQGI RNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAAS					
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRTITCRASQGI RNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAAS					
							Section 2
	(53)	53	60	70	80	90	104
A30	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTIS SLQPEDFATYYCLQHNSYP-----					
CR2-1.39 1_LC	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTIS SLQPEDFATYYCLQHNSYEWTFGQGTKV					
Consensus	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTIS SLQPEDFATYYCLQHNSYP					
							Section 3
	(105)	105	107				
A30	(96)	---					
CR2-1.39 1_LC	(105)	EIK					
Consensus	(105)						

10

FIGURE 35

Figure 35A

Section 1							
	(1)	1	10	20	30	40	52
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMN					
CR2-1.45_HC	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMN					
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMN					
Section 2							
	(53)	53	60	70	80	90	104
VH1-8	(53)	PNSGNTGYAQKFQGRVTMTTRNTSISTAYMELSSLRSED TAVYYCAR-----					
CR2-1.45_HC	(53)	PNSGNTGYAQKFQGRVTMTTRNTSISTAYMELSSLRSED TAVYYCARGSGYSY					
Consensus	(53)	PNSGNTGYAQKFQGRVTMTTRNTSISTAYMELSSLRSED TAVYYCAR					
Section 3							
	(105)	105	110	125			
VH1-8	(99)	-----					
CR2-1.45_HC	(105)	GYDYYYGMDVWGQGT TTVVSS					
Consensus	(105)						

Figure 35B

Section 1							
	(1)	1	10	20	30	40	53
A20	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQQKPGKVPKLLIYAAS					
CR2-1.45_LC	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTINCRASQGISNDLAWYQQKPGKVPKLLIYAAS					
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTI CRASQGISN LAWYQQKPGKVPKLLIYAAS					
Section 2							
	(54)	54	60	70	80	90	106
A20	(54)	LQSGVPSRFRSGSGSGTDFTLTISLQPEDVATYYCQKYNAP-----					
CR2-1.45_LC	(54)	LQLGVPSRFRSGSGSGTDFTLTISLQPEDVATYYCQKYNAPFTFGPGTKVDI					
Consensus	(54)	LQ GVPSPRFRSGSGSGTDFTLTISLQPEDVATYYCQKYNAP					
Section 3							
	(107)	107					
A20	(96)	-					
CR2-1.45_LC	(107)	K					
Consensus	(107)						

FIGURE 36

Figure 36A

Section 1					
	(1)	1	10	20	30 40 51
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYFTSYDINWVRQATGQGLEWMGMN			
CR2-1.46.1_HC	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYFTSYDINWVRQATGQGLEWMGMN			
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYFTSYDINWVRQATGQGLEWMGMN			
Section 2					
	(52)	52	60	70	80 90 102
VH1-8	(52)	NPNSGNTGYAQKFGGRVTMTTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR----			
CR2-1.46.1_HC	(52)	NPNNGNTGYAQKFGGRVTMTTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCARDIVV			
Consensus	(52)	NPN GNTGYAQKFGGRVTMTTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYYCAR			
Section 3					
	(103)	103	110	126	
VH1-8	(99)	-----			
CR2-1.46.1_HC	(103)	VVTATDYYYGMDVWGQGTITVTVSS			
Consensus	(103)				

Figure 36B

Section 1					
	(1)	1	10	20	30 40 52
A30	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGDRTTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIFAAAS			
CR2-1.46.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGDRTTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIFAAAS			
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSSLASVGDRTTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIFAAAS			
Section 2					
	(53)	53	60	70	80 90 104
A30	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTITSSLPQPEDFATYYCLQHNSYP-----			
CR2-1.46.1_LC	(53)	SLPSGVPSRFSGSGSGTEFTLTITSSLPQPEDFATYYCLQHSGYPTTFGQGTKV			
Consensus	(53)	SL SGVPSRFSGSGSGTEFTLTITSSLPQPEDFATYYCLQH YP			
Section 3					
	(105)	1087			
A30	(96)	---			
CR2-1.46.1_LC	(105)	EIK			
Consensus	(105)				

FIGURE 37

Figure 37A

Section 1						
	(1)	10	20	30	40	51
CR2-1.48.1_HC	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVRQAPGGQGLEWMGWI				
VH1-18	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVRQAPGGQGLEWMGWI				
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVRQAPGGQGLEWMGWI				
Section 2						
	(52)	60	70	80	90	102
CR2-1.48.1_HC	(52)	SAYNGNTNYAQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARDVEY				
VH1-18	(52)	SAYNGNTNYAQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR----				
Consensus	(52)	SAYNGNTNYAQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR				
Section 3						
	(103)	103	110	125		
CR2-1.48.1_HC	(103)	YYDGSGLYYFDYWGQGLTVTVSS				
VH1-18	(99)	-----				
Consensus	(103)					

Figure 37B

Section 1							
	(1)	10	20	30	40	52	
CR2-1.48.1_LC	(1)	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTTITCRASQGISSWLAWYQQKPGKAPKLLIYAAS					
L5	(1)	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTTITCRASQGISSWLAWYQQKPGKAPKLLIYAAS					
Consensus	(1)	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTTITCRASQGISSWLAWYQQKPGKAPKLLIYAAS					
Section 2							
	(53)	53	60	70	80	90	104
CR2-1.48.1_LC	(53)	ILQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFASYYCQQANSFPRFTFGQGTKV					
L5	(53)	SLQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFATYYCQQANSFP-----					
Consensus	(53)	LQSGVPSRFSGSGSGTDFTLTISSLQPEDFASYYCQQANSFP					
Section 3							
	(105)	105	107				
CR2-1.48.1_LC	(105)	EIK					
L5	(96)	---					
Consensus	(105)						

FIGURE 38

Figure 38A

Section 1							
	(1)	1	10	20	30	40	51
CR2-1.49.1 HC	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM					
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM					
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWM					
Section 2							
	(52)	52	60	70	80	90	102
CR2-1.49.1 HC	(52)	NPNSGDTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYFCARMRDI					
VH1-8	(52)	NPNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYFCAR----					
Consensus	(52)	NPNSG TGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAVYFCAR					
Section 3							
	(103)	103	110	127			
CR2-1.49.1 HC	(103)	VATSYYYFYFGMDVMGQGTPTVTVSS					
VH1-8	(99)	-----					
Consensus	(103)						

Figure 38B

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	52
CR2-1.49.1 LC	(1)	DIVMTQSELSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHNSNGYNYLDWYLLKPGQSPQLL					
A19	(1)	DIVMTQSELSLPVTPGEPASISCRSSQSLLHNSNGYNYLDWYLQKPGQSPQLL					
Consensus	(1)	DIVMTQSPLSLPVTGPGEPAISCRSSQSLLHNSNGYNYLDWYL KPGQSPQLL					
							Section 2
	(53)	53	60	70	80	90	104
CR2-1.49.1 LC	(53)	IYLGSSRASGVFDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQTLQTITFGQ					
A19	(53)	IYLGSNRASGVFDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQALQTP----					
Consensus	(53)	IYLGSRASGVFDRFSGSGSGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQ LQT					
							Section 3
	(105)	105	111				
CR2-1.49.1 LC	(105)	GTRLEIK					
A19	(101)	-----					
Consensus	(105)						

FIGURE 39

Figure 39A

								Section 1
		(1)	1	10	20	30	40	51
CR2-1.51.1_HC	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII						
VH5-51	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII						
Consensus	(1)	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGII						
								Section 2
		(52)	52	60	70	80	90	102
CR2-1.51.1_HC	(52)	YPGDSDAKYSFSPFGQVTTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARHYDY						
VH5-51	(52)	YPGDSDTKYSFSPFGQVTTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCAR----						
Consensus	(52)	YPGDSD KYSFSPFGQVTTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCAR						
								Section 3
		(103)	103	110	126			
CR2-1.51.1_HC	(103)	VWRNYRYTGWFDPWGQGLTVTVSS						
VH5-51	(99)	-----						
Consensus	(103)							

Figure 39B

										Section 1
		(1)	1	10	20	30	40	52		
CR2-151.1_LC	(1)	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGA								
A27	(1)	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGA								
Consensus	(1)	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYGA								
										Section 2
		(53)	53	60	70	80	90	104		
CR2-151.1_LC	(53)	SNRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSSLPTFGPGTK								
A27	(53)	SSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSP-----								
Consensus	(53)	S RATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSS								
										Section 3
		(105)	105	108						
CR2-151.1_LC	(105)	VDIK								
A27	(97)	----								
Consensus	(105)									

FIGURE 40

Figure 40A

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	52
Cur2-6.4.1_hc	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWEN					
VH1-8	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWEN					
Consensus	(1)	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWEN					
							Section 2
	(53)	53	60	70	80	90	104
Cur2-6.4.1_hc	(53)	PNSGNTDYAQKFQGRVTMTRDTSISTAYMELSSLRSEDTAIYYCVRFGFGYSY					
VH1-8	(53)	PNSGNTGYAQKFQGRVTMTRNTSISTAYMELSSLRSEDTAIYYCAR-----					
Consensus	(53)	PNSGNT YAQKFQGRVTMTR TSISTAYMELSSLRSEDTAIYYC R					
							Section 3
	(105)	105	110	125			
Cur2-6.4.1_hc	(105)	NYDYYYGMDVWGQGTTVTVSS					
VH1-8	(99)	-----					
Consensus	(105)						

Figure 40B

							Section 1
	(1)	1	10	20	30	40	52
Cur2-6.4.1 Lc	(1)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQKPGQAPRLLIYAT					
A27	(1)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQKPGQAPRLLIYCA					
Consensus	(1)	EIVLTQSPGTLSLSPGERATLSCRASQSVSSSYLAWYQKPGQAPRLLIYA					
							Section 2
	(53)	53	60	70	80	90	104
Cur2-6.4.1 Lc	(53)	SSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPCSPFGQGTK					
A27	(53)	SSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSP-----					
Consensus	(53)	SSRATGIPDRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSP					
							Section 3
	(105)	105	108				
Cur2-6.4.1 Lc	(105)	LEIK					
A27	(97)	----					
Consensus	(105)						

FIGURE 41

CLONE #	VH	#DE L	VH END	# N's	N Sequence	DH	Size of D	D Sequence	# N's	N Sequence	JH	# del	JH Segment
1.19.1	DP-15/1-8	-1	CGAGAG (SEQ ID NO:92)	3	ACG	D3-16	28	TTATGATTACGTTT GGGGAGTTATCGT (SEQ ID NO:93)	2	GC	JH6 B	-12	ACTACG (SEQ ID NO:94)
1.19.2	DP-15/1-8	-1	CGAGAG (SEQ ID NO:92)	3	ACG	D3-16	28	TTATGATTACGTTT GGGGAGTTATCGT (SEQ ID NO:93)	2	GC	JH6 B	-12	ACTACG (SEQ ID NO:94)
1.19.3	DP-15/1-8	-1	CGAGAG (SEQ ID NO:92)	3	ACG	D3-16	28	TTATGATTACGTTT GGGGAGTTATCGT (SEQ ID NO:93)	2	GC	JH6 B	-12	ACTACG (SEQ ID NO:94)
6.4.1	DP-15/1-8	0	GAGAGG (SEQ ID NO:95)	3	CTT	D5-18	12	TGGATACAGCTA (SEQ ID NO:96)	2	TA	JH6 B	0	ATTACTAC (SEQ ID NO:97)
6.4.2	DP-15/1-8	0	GAGAGG (SEQ ID NO:95)	3	CTT	D5-18	12	TGGATACAGCTA (SEQ ID NO:96)	2	TA	JH6 B	0	ATTACTAC (SEQ ID NO:97)
6.4.3	DP-15/1-8	0	GAGAGG (SEQ ID NO:95)	3	CTT	D5-18	12	TGGATACAGCTA (SEQ ID NO:96)	2	TA	JH6 B	0	ATTACTAC (SEQ ID NO:97)

CLONE	vk	#de 1	vk end	#n	N SEQ	Jk	# del	JK end
-------	----	-------	--------	----	-------	----	-------	--------

1.19.1	A30	-3	TTACCC (SEQ ID NO:98)	6	GTGCAG (SEQ ID NO:99)	JK2	-7	TTTTGG (SEQ ID NO:100)
1.19.2	A30	-3	TTACCC (SEQ ID NO:98)	6	GTGCAG (SEQ ID NO:99)	JK2	-7	TTTTGG (SEQ ID NO:100)
1.19.3	A30	-3	TTACCC (SEQ ID NO:98)	6	GTGCAG (SEQ ID NO:99)	JK2	-7	TTTTGG (SEQ ID NO:100)
6.4.1	A27/A27A	-3	CTCACC (SEQ ID NO:98)	6	GTGCAG (SEQ ID NO:99)	JK2	-7	TTTTGG (SEQ ID NO:100)

FIGURE 42

CLONE #	VH	#DEL	VH END	# N's	N Sequence	DH	Size of D	D Sequence	# N's	N Sequence	JH	# del	JH Segment
1.6.1	DP-77/3-21	0	GAGAGA (SEQ ID NO:104)	0	0	D3-16	22	TATTATGATTAC GTTTGGGGA (SEQ ID NO:105)	14	ATTATCGCC TCGTT (SEQ ID NO:106)	JH4B	-1	CTACTT (SEQ ID NO:107)
1.6.1	DP-77/3-21	0	GAGAGA (SEQ ID NO:104)	0	0	D3-16	22	TATTATGATTAC GTTTGGGGA (SEQ ID NO:105)	14	ATTATCGCC TCGTT (SEQ ID NO:106)	JH4B	-1	CTACTT (SEQ ID NO:107)
1.6.1	DP-77/3-21	0	GAGAGA (SEQ ID NO:104)	0	0	D3-16	22	TATTATGATTAC GTTTGGGGA (SEQ ID NO:105)	14	ATTATCGCC TCGTT (SEQ ID NO:106)	JH4B	-1	CTACTT (SEQ ID NO:107)
1.11.1	DP-42/3-53	-5	AGAGA (SEQ ID NO:108)	3	GGA	D4-17	10	ACGGTGACTA (SEQ ID NO:109)	5	CGAAT (SEQ ID NO:110)	JH6B	-2	TACTACT A (SEQ ID NO:111)
1.11.2	DP-42/3-53	-5	AGAGA (SEQ ID NO:108)	3	GGA	D4-17	10	ACGGTGACTA (SEQ ID NO:109)	5	CGAAT (SEQ ID NO:110)	JH6B	-2	TACTACT A (SEQ ID NO:111)
1.23.1	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:112)	18	TGTATCGTATTACT ATGT (SEQ ID NO:113)	D3-10	19	TTCGGGGAGTTA TTATAAC (SEQ ID NO:114)	2	GT	JH4B	-4	CTTTGA (SEQ ID NO:115)
1.23.2	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:112)	18	TGTATCGTATTACT ATGT (SEQ ID NO:113)	D3-10	19	TTCGGGGAGTTA TTATAAC (SEQ ID NO:114)	2	GT	JH4B	-4	CTTTGA (SEQ ID NO:115)

CLONE	Vk	#del	vk end	#n	N SEQ	JK	# del	JK end
1.6.1	A30	-3	TTACCC (SEQ ID NO:104)	0	0	JK4	0	GCTCACT (SEQ ID NO:107)

1.6.2	A30	-3	NO:116) TTACCC (SEQ ID NO:116)	0	0	JK4	0	NO:117) GCTCACT (SEQ ID NO:117)
1.6.3	A30	-3	TTACCC (SEQ ID NO:116)	0	0	JK4	0	GCTCACT (SEQ ID NO:117)
1.11.1	A3/A19/DPK	-4	AAACTC (SEQ ID NO:118)	0	0	JK4	-2	TCACTTTC (SEQ ID NO:119)
1.11.2	A3/A19/DPK	-4	AAACTC (SEQ ID NO:118)	0	0	JK4	-2	TCACTTTC (SEQ ID NO:119)
1.23.1	A30	-3	TTACCC (SEQ ID NO:120)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:120)
1.23.2	A30	-3	TTACCC (SEQ ID NO:120)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:120)

FIGURE 43

CLONE #	VH	#DEL	VH END	# N's	N Sequence	DH	Size of D	D Sequence	# N's	N Sequence	JH	# del	JH Segment
1.17.1	DP-50/3-33	0	GAGAGA (SEQ ID NO:121)	4	TCAA	D5-18	8	GGATACA (SEQ ID NO:122)	9	ATATGCTG G (SEQ ID NO:123)	JH6B	-1	TTACTACT (SEQ ID NO:124)
1.17.2	DP-50/3-33	0	GAGAGA (SEQ ID NO:121)	4	TCAA	D5-18	8	GGATACA (SEQ ID NO:122)	9	ATATGCTG G (SEQ ID NO:123)	JH6B	-1	TTACTACT (SEQ ID NO:124)
1.17.3	DP-50/3-33	0	GAGAGA (SEQ ID NO:121)	4	TCAA	D5-18	8	GGATACA (SEQ ID NO:122)	9	ATATGCTG G (SEQ ID NO:123)	JH6B	-1	TTACTACT (SEQ ID NO:124)
1.18	DP-15/1-8	1	CGAGAG (SEQ ID NO:125)	1	A	D6-19	19	GGGTATAG CAGTGGCT GG (SEQ ID NO:126)	4	GACA	JH6B	-2	TACTAC (SEQ ID NO:127)
1.24.1	DP-50/3-33	0	GAGAGA (SEQ ID NO:128)	4	TCAG	DK4	18	GGATACAG CTATGGTT AC (SEQ ID NO:129)	2	GT	JH6B	-4	CTACTA (SEQ ID NO:130)
1.24.2	DP-50/3-33	0	GAGAGA (SEQ ID NO:128)	4	TCAG	DK4	18	GGATACAG CTATGGTT AC (SEQ ID NO:129)	2	GT	JH6B	-4	CTACTA (SEQ ID NO:130)
1.25.1	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:131)	6	TGGATC (SEQ ID NO:132)	D3-10	30	GTATATTATTA TGGTTCGG AGACTTATT ATAA (SEQ ID NO:133)	3	TGT	JH4B	-4	CTTTGA (SEQ ID NO:135)

CLONE #	VH	#DEL	VH END	# N's	N Sequence	DH	Size of D	D Sequence	# N's	N Sequence	JH	# del	JH Segment
1.25.2	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:131)	6	TGGATC (SEQ ID NO:132)	D3-10	30	GTATATTA TGGTTCGG AGACTTATT ATAA (SEQ ID NO:133)	3	TGT	JH4B	-4	CTTTGA (SEQ ID NO:134)
1.29	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:135)	1	C	D5-12	21	GTGGATgT AGGGGCT ACGATT (SEQ ID NO:136)	7	GGGGAT (SEQ ID NO:137)	JH6B	0	ATTACTAC (SEQ ID NO:138)
1.33	DP-14/1-18	0	GAGAGA (SEQ ID NO:139)	2	TC	D21-9	18	ATTACTAT GATAGTAG TG (SEQ ID NO:140)	7	ATTATCT (SEQ ID NO:141)	JH6B	-4	CTACTA (SEQ ID NO:142)
1.38.1	DP-50/3-33	1	CGAGAG (SEQ ID NO:143)	2	GA	D21-9	19	TATTACTA TGATAGTA GTG (SEQ ID NO:144)	7	ATTATCT (SEQ ID NO:145)	JH6B	-4	CTACTA (SEQ ID NO:146)
1.39.1	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:147)	6	TGGATC (SEQ ID NO:148)	D3-10	31	GTATTACT ATaaTTCG GGGAGTTA TTATAAC (SEQ ID NO:149)	2	GT	JH4B	-4	CTTTGA (SEQ ID NO:150)
1.39.2	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:147)	6	TGGATC (SEQ ID NO:148)	D3-10	31	GTATTACT ATaaTTCG GGGAGTTA TTATAAC (SEQ ID NO:149)	2	GT	JH4B	-4	CTTTGA (SEQ ID NO:150)
1.40.1	DP-15/1-8	1	CGAGAG (SEQ ID NO:147)	0	0	D2	25	ATATTGTA GTGGTGGT	2	CA	JH6B	-6	ACTACT (SEQ ID NO:150)

CLONE #	VH	#DEL	VH END	# N's	N Sequence	DH	Size of D	D Sequence	# N's	N Sequence	JH	# del	JH Segment
			NO:151)					AGCTGCTA C (SEQ ID NO:152)					NO:153)
1.40.2	DP-15/1-8	1	CGAGAG (SEQ ID NO:151)	0	0	D2	25	ATATTGTA GTGGTGGT AGCTGCTA C (SEQ ID NO:152)	2	CA	JH6B	-6	ACTACT (SEQ ID NO:153)
1.45	DP-15/1-8	0	GAGAGG (SEQ ID NO:154)	2	CA	DK4	20	GTGGATAC AGCTATGG TTAC (SEQ ID NO:155)	1	G	JH6B	-6	ACTACT (SEQ ID NO:156)
1.46.1	DP-15/1-8	1	CGAGAG (SEQ ID NO:157)	0	0	D2	25	ATATTGTA GT GGTGGTA GCTGCTAC (SEQ ID NO:158)	2	GG	JH6B	-6	ACTACT (SEQ ID NO:159)
1.46.2	DP-15/1-8	1	CGAGAG (SEQ ID NO:157)	0	0	D2	25	ATATTGTA GTGGTGGT AGCTGCTA C (SEQ ID NO:158)	2	GG	JH6B	-6	ACTACT (SEQ ID NO:159)
1.48.1	DP-14/1-18	1	CGAGAG (SEQ ID NO:160)	7	TGTTGAA (SEQ ID NO:161)	D21-9	20	TATTACTA TGATgGTA GTGGTTAT (SEQ ID NO:162)	1	T	JH4B	0	ACTACT (SEQ ID NO:163)
1.48.2	DP-14/1-18	1	CGAGAG (SEQ ID NO:160)	7	TGTTGAA (SEQ ID NO:161)	D21-9	20	TATTACTA TGATgGTA GTGGTTAT (SEQ ID NO:162)	1	T	JH4B	0	ACTACT (SEQ ID NO:163)

CLONE #	VH	#DEL	VH END	# N's	N Sequence	DH	Size of D	D Sequence	# N's	N Sequence	JH	# del	JH Segment
1.49.1	DP-15/1-8	2	GCGAGA (SEQ ID NO:164)	5	ATGAG (SEQ ID NO:165)	D5-12	17	GGATATAG TGGCTACG A (SEQ ID NO:166)	3	GCT	JH6B	0	ATTACTAC (SEQ ID NO:167)
1.49.2	DP-15/1-8	2	GCGAGA (SEQ ID NO:164)	5	ATGAG (SEQ ID NO:165)	D5-12	17	GGATATAG TGGCTACG A (SEQ ID NO:166)	3	GCT	JH6B	0	ATTACTAC (SEQ ID NO:167)
1.51.1	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:168)	1	C	D3-16	31	TATGATTG CGTTTGGa GGAAATTAT CGGTATA (SEQ ID NO:169)	5	CAGGG (SEQ ID NO:170)	JH5B	-5	TGGTTC (SEQ ID NO:171)
1.51.2	DP-73/5-51	0	GAGACA (SEQ ID NO:168)	1	C	D3-16	31	TATGATTG CGTTTGGa GGAAATTAT CGGTATA (SEQ ID NO:169)	5	CAGGG (SEQ ID NO:170)	JH5B	-5	TGGTTC (SEQ ID NO:171)

CLONE	vk	#del	vk end	#n	N SEQ	JK	# del	JK end
-------	----	------	--------	----	-------	----	-------	--------

1.17.1	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:172)	0	0	JK4	0	GCTCACT (SEQ ID NO:173)
1.17.2	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:172)	0	0	JK4	0	GCTCACT (SEQ ID NO:173)
1.17.3	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:172)	0	0	JK4	0	GCTCACT (SEQ ID NO:173)

CLONE	vk	#del	vk end	#n	N SEQ	JK	# del	JK end
1.18	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:174)	0	0	JK3	0	ATTACAC (SEQ ID NO:173)
1.24.1	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:176)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:177)
1.24.2	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:176)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:177)
1.25.1	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:178)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:179)
1.25.2	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:178)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:179)
1.29	A3/A19/DPK	7	CTACAA (SEQ ID NO:180)	14	TCCTCTCATG TGCAG (SEQ ID NO:181)	JK2	-7	TTTTGG (SEQ ID NO:182)
1.33	A20/DPK4	3	TGCCCC (SEQ ID NO:183)	0	0	JK4	0	GCTCAC (SEQ ID NO:184)
1.38.1	A20/DPK4	3	TGCCCC (SEQ ID NO:185)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:186)
1.39.1	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:187)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:188)
1.39.2	A30	3	TTACCC (SEQ ID NO:187)	0	0	JK1	0	GTGGAC (SEQ ID NO:188)
1.45	A20/DPK4	3	TGCCCC (SEQ ID NO:189)	0	0	JK3	0	ATTACAC (SEQ ID NO:190)
1.46.1	A30	0	CCCTCC (SEQ ID)	0	0	JK1	-3	GACGTT (SEQ ID)

CLONE	vk	#del	vk end	#n	N SEQ	JK	# del	JK end
			NO:191)					NO:192)
1.46.2	A30	0	CCCTCC (SEQ ID NO:191)	0	0	JK1	-3	GACGTT (SEQ ID NO:192)
1.48.1	L5/DPK5V	1	TCCCTC (SEQ ID NO:193)	0	0	JK1	-2	GGACGTT (SEQ ID NO:194)
1.48.2	L5/DPK5V	1	TCCCTC (SEQ ID NO:193)	0	0	JK1	-2	GGACGTT (SEQ ID NO:194)
1.49.1	A3/A19/DPK	5	CAAACT (SEQ ID NO:195)	0	0	JK5	-1	ATCACC (SEQ ID NO:196)
1.49.2	A3/A19/DPK	5	CAAACT (SEQ ID NO:195)	0	0	JK5	-1	ATCACC (SEQ ID NO:196)
1.51.1	A27/A27A	4	GCTCAC (SEQ ID NO:197)	1	T	JK3	0	ATTCAC (SEQ ID NO:198)
1.51.1	A27/A27A	4	GCTCAC (SEQ ID NO:197)	1	T	JK3	0	ATTCAC (SEQ ID NO:198)

FIGURE 44

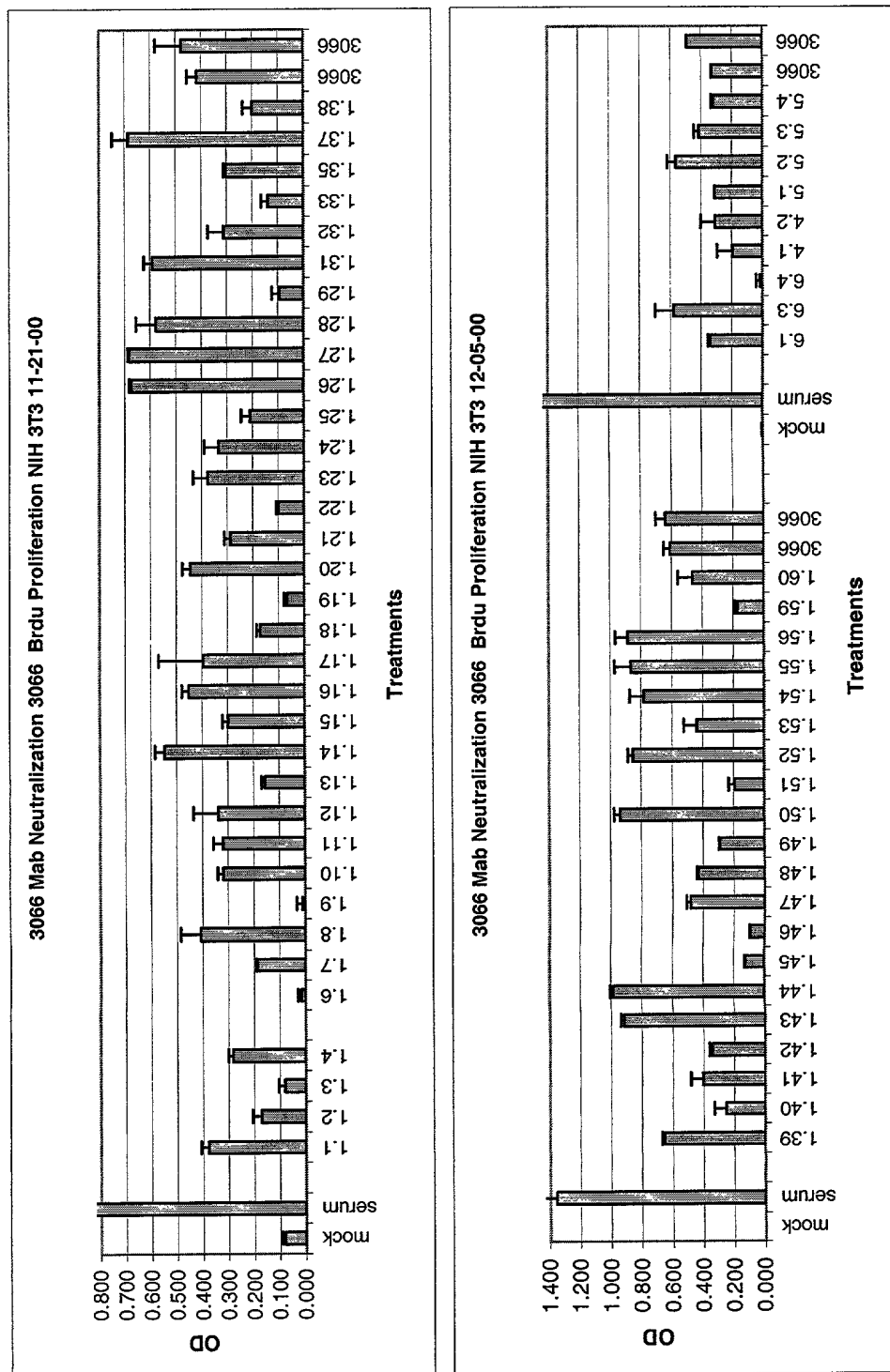


FIGURE 45

5

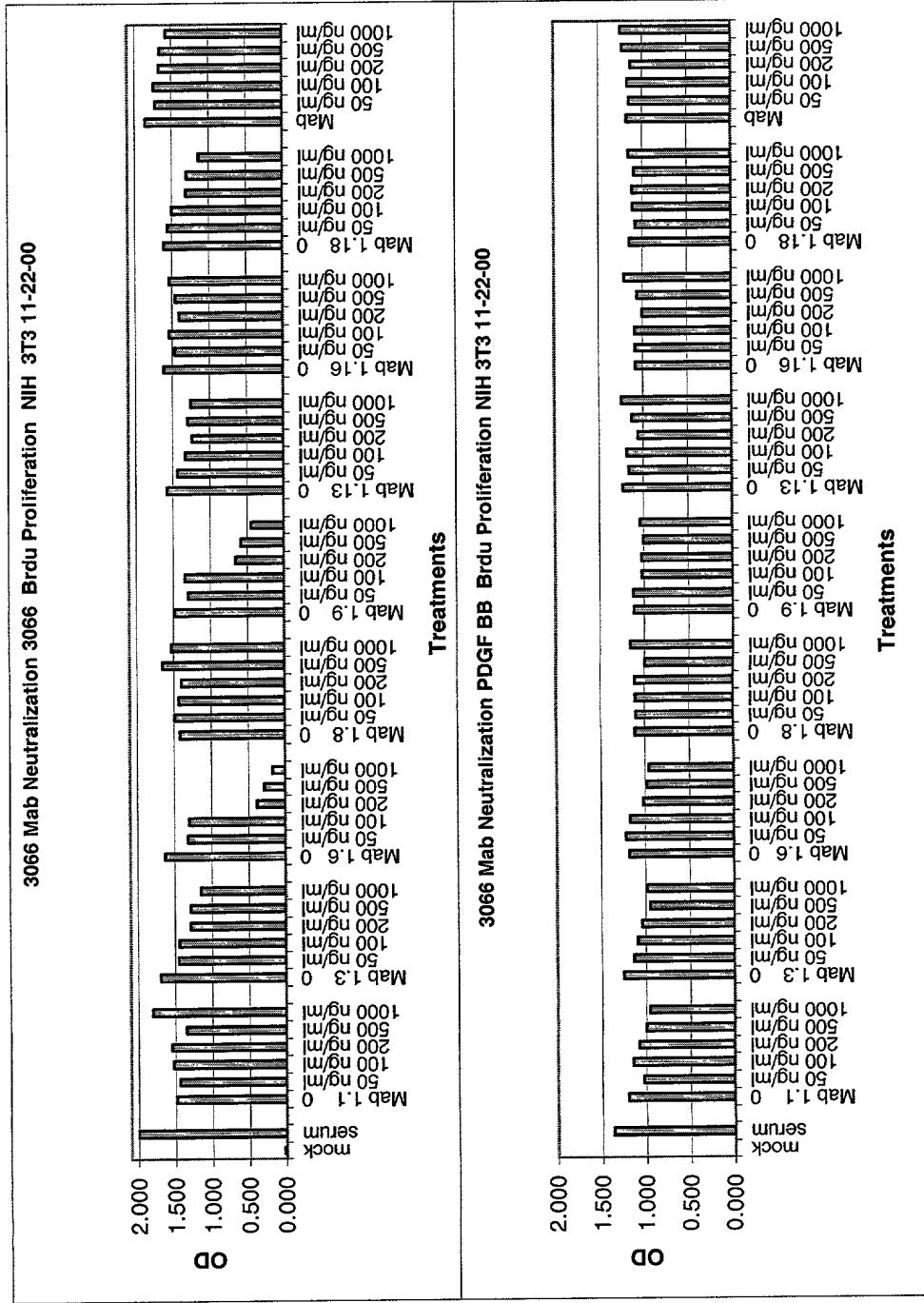


FIGURE 46

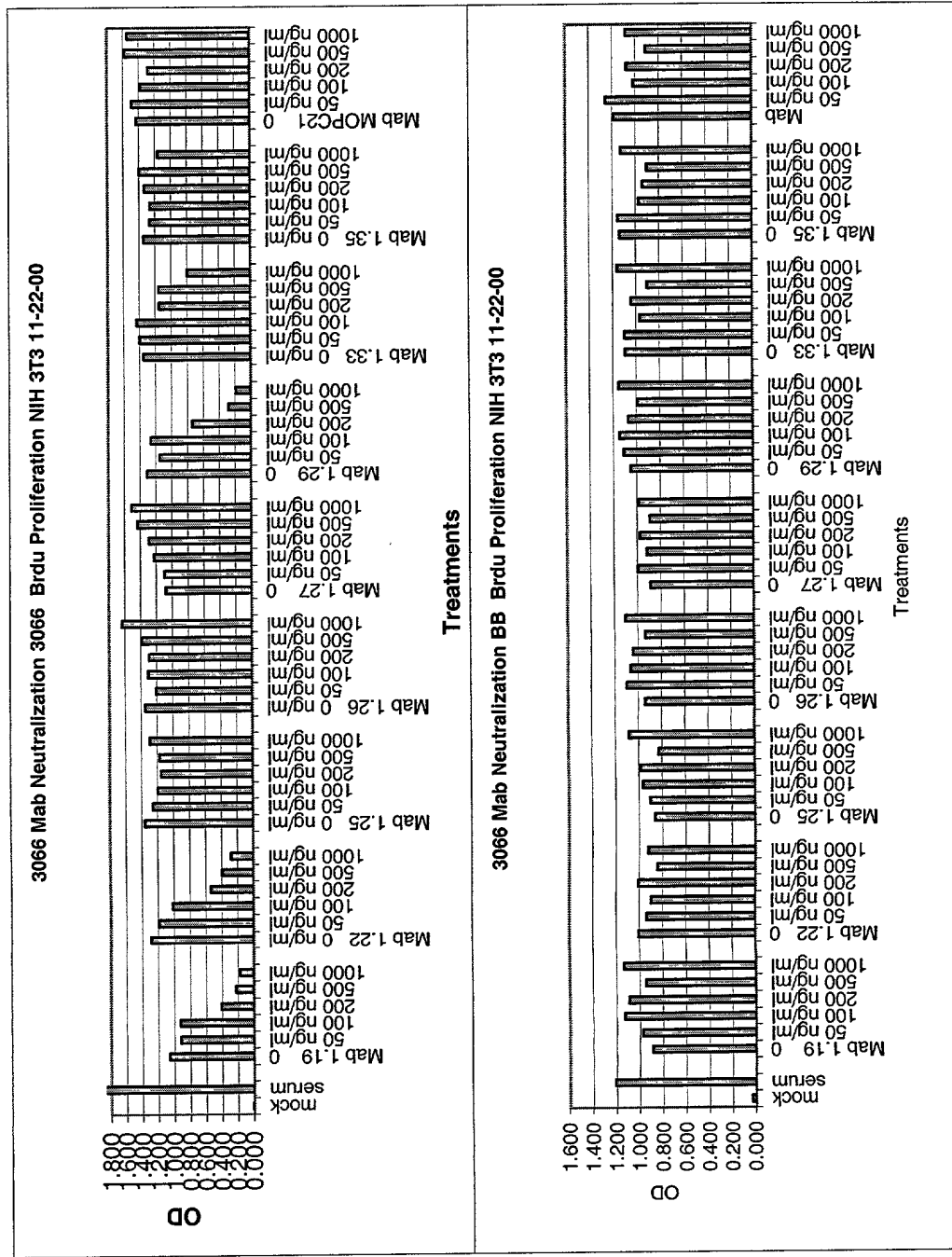


FIGURE 47

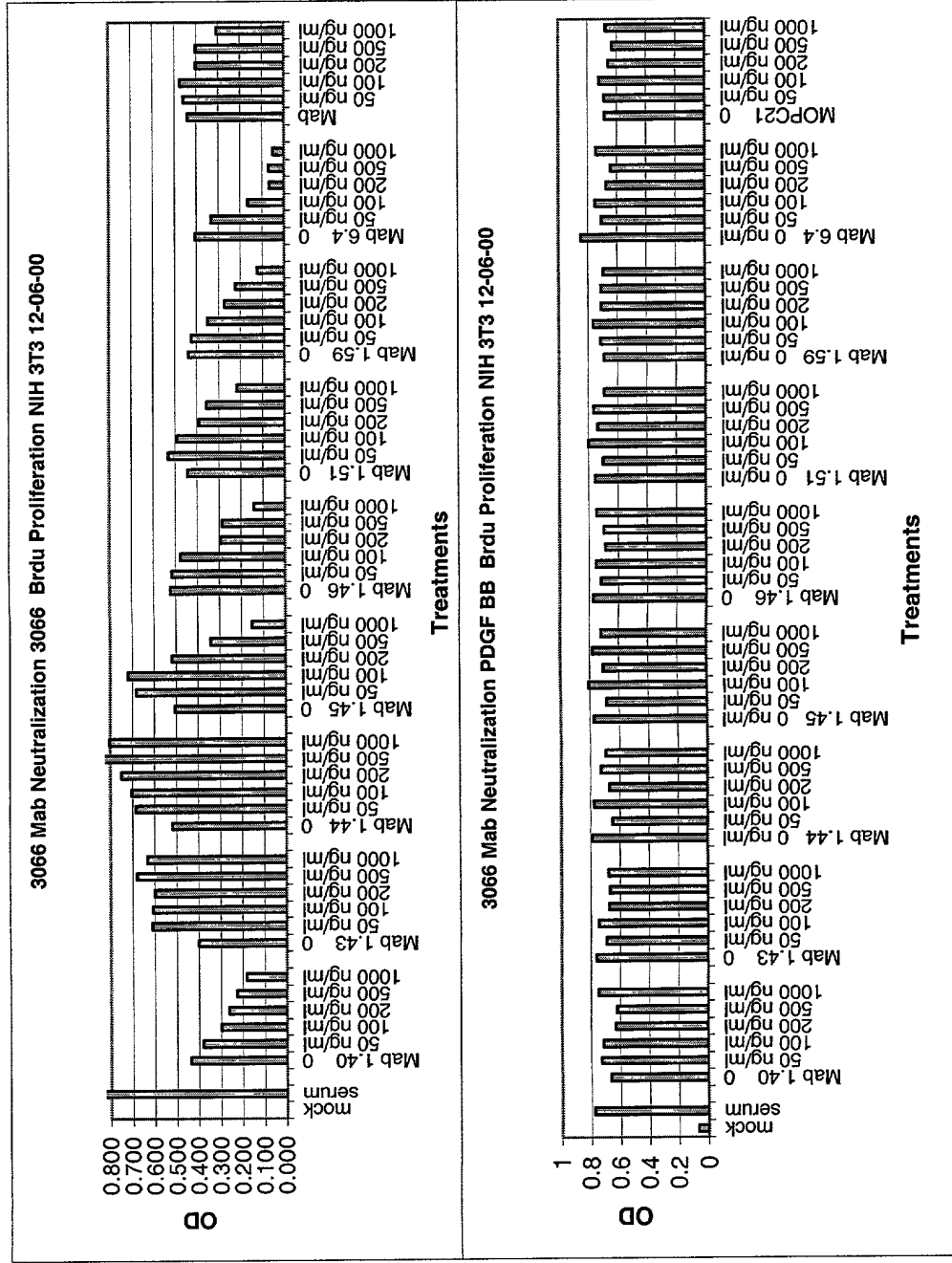


FIGURE 48

1.19 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF	TSYDINWVRQATG	GLEWMGWMNPNSGNTGY	60
6.4 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF	TSYDINWVRQATG	GLEWMGWMNPNSGNTDY	60
1.18 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF	TSYDINWVRQATG	GLEWMGWMNPNSGNTGY	60
1.40 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF	TSYDINWVRQATG	GLEWMGWMNPNSGNTGY	60
1.45 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF	TSYDINWVRQATG	GLEWMGWMNPNSGNTGY	60
1.46 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF	TSYDINWVRQATG	GLEWMGWMNPNSGNTGY	60
1.49 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF	TSYDINWVRQATG	GLEWMGWMNPNSGNTGY	60
1.33 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF	TSYGISWVRQAPG	GLEWMGWISAYNGNTNY	60
1.48 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTF	TSYGISWVRQAPG	GLEWMGWISAYNGNTNY	60
1.6 H	1	EVQLVESGGGLVVKPGGSLRLS	CAASGFTFSYGMHWVRQAPG	GLEWVSSISSSSSNIYY	60
1.17 H	1	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLS	CAASGFTFSYGMHWVRQAPG	GLEWVAVIWDGNSKYY	60
1.24 H	1	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLS	CAASGFTFSYGMHWVRQAPG	GLEWVAVIWDGNSKYY	60
1.38 H	1	QVQLVESGGGVVQPGKSLRLS	CAASGFTFSYGMHWVRQAPG	GLEWVAVIWDGNSKYY	60
1.11 H	1	EVQLVQSGGGGLIQPGGSLRLS	CAASGFTVSSNYMSWVRQAPG	GLEWVSVIYSGGS-TYY	59
1.23 H	1	EVQLVQSGAEVKKPGESLKLISCKGSGY	SFTSYWIGWVRQMPGK	GLEWMGIITYPGDS	60
1.25 H	1	EVQLVQSGAEVKKPGESLKLISCKGSGY	SFTSYWIGWVRQMPGK	GLEWMGIITYPGDS	60
1.29 H	1	EVQLVQSGAEVKKPGESLKLISCKGSGY	SFTSYWIGWVRQMPGK	GLEWMGIITYPGDS	60
1.39 H	1	EVQLVQSGTEVKKPGESLKLISCKGSGY	SFTSYWIGWVRQMPGK	GLEWMGIITYPGDS	60
1.51 H	1	EVQLVQSGAEVKKPGESLKLISCKGSGY	SFTSYWIGWVRQMPGK	GLEWMGIITYPGDS	60
		[____CDR1____]		[____CDR2____]	
1.19 H	61	AQKFQGRVTMTIRNTSISTAYMELSSLR	SEDTAVYYCAR--DVM-ITFGGVIVH-	YGMDVW	116
6.4 H	61	AQKFQGRVTMTIRDTSISTAYMELSSLR	SEDTAVYYCVR--GFG-YSYN-YDYY-	YGMDVW	115
1.18 H	61	AQKFQGRVTMTIRNTSISTAYMELSSLR	SEDTAVYYCAR--EG--IAVAGTYYY-	YGMDVW	116
1.40 H	61	AQKFQGRVTMTIRNTSLSTAYMELSSLR	SEDTAVYYCAR--DIV-VVVAATNYY-	NGMDVW	116
1.45 H	61	AQKFQGRVTMTIRNTSISTAYMELSSLR	SEDTAVYYCAR--GSG-YSYG-YDYY-	YGMDVW	115
1.46 H	61	AQKFQGRVTMTIRNTSISTAYMELSSLR	SEDTAVYYCAR--DIV-VVVTATDYY-	YGMDVW	116
1.49 H	61	AQKFQGRVTMTIRNTSISTAYMELSSLR	SEDTAVYYCAR--MRD-IVATSYYYFY-	YGMDVW	117
1.33 H	61	AQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELSLR	SDDTAVYYCAR--DHY-YDSSDYLYYY-	GLD VW	117
1.48 H	61	AQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELSLR	SDDTAVYYCARDVEYY-YDGSYYYFDY---	W	115
1.6 H	61	ADSVKGRFTTISRDNKNTLYLQMN	SLRAEDTAVYYCARDIMI---TFG-GI-	IASFYFDYW	116
1.17 H	61	ADSVKGRFTTISRDNKNTLYLQMN	SLRAEDTAVYYCARDQGY---RYA-GY-	YDYGD VW	116
1.24 H	61	ADSVKGRFTTISRDNKNTLYLQMN	SLRAEDTAVYYCARDQGY---SYG-YV-	YDYGD VW	116
1.38 H	61	ADSVKGRFTVSRDNKNTLYLQMN	SLRAEDTAVYYCARGYYD--SSD-YL-	YDYGD VW	117
1.11 H	60	ADSVKGRFTTISRDNKNTLYLQMN	SLRAEDTAVYYCAGTVTT-----N-	YDYGD VW	110
1.23 H	61	SPSFQGOVTISADKSISTAYLQWSSL	KASDTAMYYCARHVSY---YVSGSY-	NVFDYW	116
1.25 H	61	SPSFQGOVTISADKSISTAYLQWSSL	KASDTAMYYCARHGSY---YVSGSY-	NVFDYW	116
1.29 H	61	SPSFQGOVTISADKSISTAYLQWSSL	KASDTAMYYCARHVDVGATIGGYYY-	HGMDVW	119
1.39 H	61	SPSFQGOVTISADKSISTAYLQWSSL	KASDTAMYYCARHGSY---YVSGSY-	NVFDYW	116
1.51 H	61	SPSFQGOVTISADKSISTAYLQWSSL	KASDTAMYYCARHYDY---VWRNYRY-	T-GWFDPW	116
		[____CDR3____]			

FIGURE 48 (CONT)

1.19 H	117	GQGTTVTVSS	126
6.4 H	116	GQGTTVTVSS	125
1.18 H	117	GQGTTVTVSS	126
1.40 H	117	GQGTTVTVSS	126
1.45 H	116	GQGTTVTVSS	125
1.46 H	117	GQGTTVTVSS	126
1.49 H	118	GQGTTVTVSS	127
1.33 H	118	GQGTTVTVSS	127
1.48 H	116	GQGTTLTVSS	125
1.6 H	117	GQGTTLTVSS	126
1.17 H	117	GQGTTVTVSS	126
1.24 H	117	GQGTTVTVSS	126
1.38 H	118	GQGTTVTVSS	127
1.11 H	111	GQGTTVTVSS	120
1.23 H	117	GQGTTLTVSS	126
1.25 H	117	GQGTTLTVSS	126
1.29 H	120	GQGTTVTVSS	129
1.39 H	117	GQGTTLTVSS	126
1.51 H	117	GQGTTLTVSS	126

FIGURE 49

1.48 L	1	DIQMTQSPSSVSASVGDRVTITCRASQGIS	SS-----WLA	WYQQKPGKAPKLLIYAASILQ	55
1.49 L	1	DIVMTQSPPLSLPVTPGEPASISCRSSQSL	LHSGNYNYLDWYLLKPGQSPQLLIYLGSSRA	60	
1.11 L	1	DIVMTQSPPLSLPVTPGEPASISCRSSQSL	LQSGNYNYLDWYLLKPGQSPQLLIYLGSNRA	60	
1.29 L	1	DIVMTQSPPLSLPVTPGEPASISCRSSQSL	LHSGNYNYLDWYLLKPGQSPQLLIYLGSNRA	60	
1.45 L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTINCRASQGIS	SN-----DLA	WYQQKPGKVPKLLIYAASILQ	55
1.33 L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIS	SN-----YLA	WYQQKPGKVPKLLIYAASILQ	55
1.38 L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIS	SN-----YLA	WYQQKPGKVPNLLIYAASILQ	55
6.4 L	1	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSV	SSS-----YLA	WYQQKPGQAPRLLIYATSSRA	56
1.51 L	1	EIVLTQSPGTLISLSPGERATLSCRASQSV	SSS-----YLA	WYQQKPGQAPRLLIYGASNRA	56
1.19 L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	N-----DLG	WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ	55
1.18 L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	N-----DLG	WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ	55
1.16 L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	N-----DLG	WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ	55
1.23 L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	N-----DLG	WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ	55
1.25 L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	N-----DLG	WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ	55
1.39 L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	N-----DLG	WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ	55
1.17 L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	N-----DLG	WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ	55
1.24 L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	N-----DLG	WYQQKPGKAPKRLIYAASSLQ	55
1.46 L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIR	N-----DLG	WYQQKPGKAPKRLIYAASSLP	55

[CDR1]

[CDR2]

1.48 L	56	SGVPSRFGSGSGTFTLTISLQPEDFASYYC	QSNSEFRT-FGQGT	KVEIK	107
1.49 L	61	SGVPDRFGSGSGTFTLTKISRVEAEDVG	VYYCMQTLQTIT--FGQGT	RLEIK	111
1.11 L	61	SGVPDRFGSGSGTFTLTKISRVEAEDVG	VYYCMQALQTLT--FGG	GTKVEIK	111
1.29 L	61	SGVPDRFGSGSGTFTLTKISRVEAEDVG	VYYCMQALQSLMCSFGQGT	KLEIK	113
1.45 L	56	LGVPSRFGSGSGTFTLTISLQPEDVATYYC	QKYNAPFT-FGP	GTKVLEIK	107
1.33 L	56	SGVPSRFGSGSGTFTLTISLQPEDVATYYC	QKYNAPLT-FGG	GTKVEIK	107
1.38 L	56	SGVPSRFGSGSGTFTLTISLQPEDVAAYYC	QKCNAPWT-FGQGT	TIVEIK	107
6.4 L	57	IGIPDRFGSGSGTFTLTISRLEPEDFAVYYC	QQYGSSECS-FGQGT	KLEIK	108
1.51 L	57	IGIPDRFGSGSGTFTLTISRLEPEDFAVYYC	QQYGSSECS-FGP	GTKVLEIK	108
1.19 L	56	SGVPSRFGSGSGTFTLTISLQPEDFATYYC	LQHNSDPCS-FGQGT	KLEIK	107
1.18 L	56	SGVPSRFGSGSGTFTLTISLQPEDFATYYC	LQHNSYPFT-FGP	GTKVLEIK	107
1.16 L	56	SGVPSRFGSGSGTFTLTISLQPEDFATYYC	LQHNSYPLT-FGG	GTKVEIK	107
1.23 L	56	RGVPSRFGSGSGTFTLTISLQPEDFATYYC	LQHNSYPWT-FGQGT	KVEIK	107
1.25 L	56	SGVPSRFGSGSGTFTLTISLQPEDFATYYC	LQHNSYPWT-FGQGT	KVEIK	107
1.39 L	56	SGVPSRFGSGSGTFTLTISLQPEDFATYYC	LQHNSYPWT-FGQGT	KVEIK	107
1.17 L	56	SGVPSRFGSGSGTFTLTISLQPEDFATYYC	LQHNSYPLT-FGG	GTKVEIK	107
1.24 L	56	SGVPSRFGSGSGTFTLTISLQPEDFATYYC	LQHNSYPWT-FGQGT	KVEIK	107
1.46 L	56	SGVPSRFGSGSGTFTLTISLQPEDFATYYC	LQHNSYPPT-FGQGT	KVEIK	107

[]

[CDR3]

FIGURE 50

1.19 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGY	60
6.4 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTDY	60
1.18 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGY	60
1.40 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGY	60
1.45 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGY	60
1.46 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGY	60
1.49 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYDINWVRQATGQGLEWMGWMNPNSGNTGY	60

[____CDR1____] [____CDR2____]

1.19 H	61	AQKFQGRVTMTNRNTSISTAYMELSSLRSEDNAVYYCARDVMITFGG-VIVYYGMDVWGQG	119
6.4 H	61	AQKFQGRVTMTNRNTSISTAYMELSSLRSEDNAVYYCARDVMITFGG-VIVYYGMDVWGQG	118
1.18 H	61	AQKFQGRVTMTNRNTSISTAYMELSSLRSEDNAVYYCARDVMITFGG-VIVYYGMDVWGQG	119
1.40 H	61	AQKFQGRVTMTNRNTSISTAYMELSSLRSEDNAVYYCARDVIVVVAA-TNYYNYGMDVWGQG	119
1.45 H	61	AQKFQGRVTMTNRNTSISTAYMELSSLRSEDNAVYYCARDVIVVVAA-TNYYNYGMDVWGQG	118
1.46 H	61	AQKFQGRVTMTNRNTSISTAYMELSSLRSEDNAVYYCARDVIVVVTA-TDYYNYGMDVWGQG	119
1.49 H	61	AQKFQGRVTMTNRNTSISTAYMELSSLRSEDNAVYYCARDVIVVVTA-TDYYNYGMDVWGQG	120

[____CDR3____]

1.19 H	120	TTVTVSS	126
6.4 H	119	TTVTVSS	125
1.18 H	120	TTVTVSS	126
1.40 H	120	TTVTVSS	126
1.45 H	119	TTVTVSS	125
1.46 H	120	TTVTVSS	126
1.49 H	121	TTVTVSS	127

FIGURE 51

1.33 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISAYNGNTNY	60
1.48 H	1	QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISAYNGNTNY	60
		[____CDR1____]	[____CDR2____]
1.33 H	61	AQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR--DHYYDSSDYLYYYYGLDVWG	118
1.48 H	61	AQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARDVEYYDGSGLYYEDY-----WG	116
		_____]	[____CDR3____]
1.33 H	119	QGTITVTVSS	127
1.48 H	117	QGTITVTVSS	125

QVQLVQSGAEVKKPGASVKVSCKASGYTFTSYGISWVRQAPGQGLEWMGWISAYNGNTNY
AQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCAR--DHYYDSSDYLYYYYGLDVWG
AQKLQGRVTMTTDTSTSTAYMELRSLRSDDTAVYYCARDVEYYDGSGLYYEDY-----WG
QGTITVTVSS
QGTITVTVSS

FIGURE 52

1.17 H	1	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVI	60
1.24 H	1	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVADI	60
1.38 H	1	QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAII	60
		[____CDR1____]	[____CDR2____]
1.17 H	61	ADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQGY-RYAGY	119
1.24 H	61	ADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQGY-SYGYV	119
1.38 H	61	ADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGYYDSSDYL	120
		_____]	[____CDR3____]
1.17 H	120	TTVTVSS	126
1.24 H	120	TTVTVSS	126
1.38 H	121	TTVTVSS	127

1.17 H 1 QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAVI 60
1.24 H 1 QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVADI 60
1.38 H 1 QVQLVESGGGVVQPGRSLRLSCAASGFTFSSYGMHWVRQAPGKGLEWVAII 60
[____CDR1____] [____CDR2____]

1.17 H 61 ADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQGY-RYAGY 119
1.24 H 61 ADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARDQGY-SYGYV 119
1.38 H 61 ADSVKGRFTISRDN SKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARGYYDSSDYL 120
_____] [____CDR3____]

1.17 H 120 TTVTVSS 126
1.24 H 120 TTVTVSS 126
1.38 H 121 TTVTVSS 127

FIGURE 53

1.23 H	1	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDS DTRY	60
1.25 H	1	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYRFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDS DTRY	60
1.29 H	1	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDS DTRY	60
1.39 H	1	EVQLVQSGTIEVKKPGESLKISCKGSGYRFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDS DTRY	60
1.51 H	1	EVQLVQSGAEVKKPGESLKISCKGSGYSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDS DAKY	60

[____CDR1____]

[____CDR2____]

1.23 H	61	SPSFQGQVTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARHVSYYYVSG---SYYNVFDYWG	117
1.25 H	61	SPSFQGQVTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARHGSYYYGSE---TYYNVFDYWG	117
1.29 H	61	SPSFQGQATISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARHVDVGATIGGYYYYYIGMDVWG	120
1.39 H	61	SPSFQGQVTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARHGSYYYNVSG---SYYNVFDYWG	117
1.51 H	61	SPSFQGQVTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAMYYCARHYDYVWRNY---RYTGWFDPWG	117

_____]

[____CDR3____]

1.23 H	118	QGT LVT VSS	126
1.25 H	118	QGT LVT VSS	126
1.29 H	121	QGT LVT VSS	129
1.39 H	118	QGT LVT VSS	126
1.51 H	118	QGT LVT VSS	126

Sequence

FIGURE 54

1.49 L	1	DIVMTQSPLSLPVTTPGEPASISCRSSQSL	LH	SNGYNYLDWYL	L	KPGQSPQLLIYLGSSRA	60	
1.11 L	1	DIVMTQSPLSLPVTTPGEPASISCRSSQSL	LQ	SNGYNYLDWYL	L	KPGQSPQLLIYLGSNRA	60	
1.29 L	1	DIVMTQSPLSLPVTTPGEPASISCRSSQSL	LH	SNGYNYLDWYL	L	KPGQSPQLLIYLGSNRA	60	
		[CDR1]				[CDR2]		
1.49 L	61	SGVPDRFSGSGGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQ	T	LQ	T	T--FCGQTRLEIK	111	
1.11 L	61	SGVPDRFSGSGGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQ	A	LQ	T	T--FGGKTKVEIK	111	
1.29 L	61	SGVPDRFSGSGGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQ	A	LQ	S	L	MCSFGQTKLEIK	113
		[CDR3]						

1.49 L 1 DIVMTQSPLSLPVTTPGEPASISCRSSQSL LH SNGYNYLDWYL L KPGQSPQLLIYLGSSRA 60
1.11 L 1 DIVMTQSPLSLPVTTPGEPASISCRSSQSL LQ SNGYNYLDWYL L KPGQSPQLLIYLGSNRA 60
1.29 L 1 DIVMTQSPLSLPVTTPGEPASISCRSSQSL LH SNGYNYLDWYL L KPGQSPQLLIYLGSNRA 60
[CDR1] [CDR2]

1.49 L 61 SGVPDRFSGSGGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQ T LQ T T--FCGQTRLEIK 111
1.11 L 61 SGVPDRFSGSGGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQ A LQ T T--FGGKTKVEIK 111
1.29 L 61 SGVPDRFSGSGGTDFTLKISRVEAEDVGVYYCMQ A LQ S L MCSFGQTKLEIK 113
[CDR3]

FIGURE 55

1.45 L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTINCRASQGISNDLAWYQQKPGKVPKLLIYAASTLQLGVPS	60
1.33 L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQQKPGKVPKLLIYAASTLQSGVPS	60
1.38 L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGISNYLAWYQQKPGKVPNLLIYAASTLQSGVPS	60
		[____CDR1____]	[_CDR2_]

1.45 L	61	RFSGSGSGTDFILTISSLQPEDVATYYCQKYNAPFTFGPGTKVDIK	107
1.33 L	61	RFSGSGSGTDFILTISSLQPEDVATYYCQKYNAPLTFGGGTKVEIK	107
1.38 L	61	RFSGSGSGTDFSLTISSLQPEDVAAYYCQKCNAPWTFGQGTVEIK	107
		[____CDR3____]	

DIQMTQSPSSLSASVGDRVTINCRASQGISNDLAWYQQKPGKVPKLLIYAASTLQLGVPS 60

FIGURE 56

6.4 L 1 EIVLTQSPGTL~~SL~~SPGERATL~~SC~~RASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIYATSSRATGIP 60
1.51 L 1 EIVLTQSPGTL~~SL~~SPGERATL~~SC~~RASQSVSSSYLAWYQQKPGQAPRLLIY~~GAS~~NRATGIP 60
[CDR1] [CDR2]

6.4 L 61 DRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSPCSFSGQGTKEIK 108
1.51 L 61 DRFSGSGSGTDFTLTISRLEPEDFAVYYCQQYGSSLFIFGPGTKVDIK 108
[___CDR3___]

[illegible]

FIGURE 57

1.19	L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPS	60
1.18	L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPS	60
1.16	L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPS	60
1.23	L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPS	60
1.25	L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPS	60
1.39	L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPS	60
1.17	L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPS	60
1.24	L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPS	60
1.46	L	1	DIQMTQSPSSLSASVGDRVTITCRASQGIRNDLGWYQQKPGKAPKRLIYAASSLQSGVPS	60

[___CDR1___] [___CDR2___]

1.19	L	61	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSDPCSFQGTKEIR	107
1.18	L	61	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYPFTFGPGTKVEIK	107
1.16	L	61	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYPLTFGGGTKVEIK	107
1.23	L	61	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYPWTFGQGTKEIK	107
1.25	L	61	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYPWTFGQGTKEIK	107
1.39	L	61	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYPWTFGQGTKEIK	107
1.17	L	61	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYPLTFGGGTKVEIK	107
1.24	L	61	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSYPWTFGQGTKEIK	107
1.46	L	61	RFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCLOHNSGYPPTFGQGTKEIK	107

[___CDR3___]